

GMV

CITOGENÉTICA, GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL

PLANT CYTOGENETICS, GENETICS AND BREEDING

GMV 1

CHEMICAL MUTAGENESIS REVEALS NOVEL GENETIC VARIANTS ASSOCIATED WITH SEED SIZE IN *LUPINUS LUTEUS*

Hernández Soto S.¹, Levicoy D.¹, Carrasco M.¹, Rupayán A.¹, Salvo-Garrido H.^{1,1} Centro Genómica Nutricional Agroacuicola, Chile. seba.hernandezsoto@gmail.com

Improving seed size is a primary goal in legume breeding to enhance yield and nutritional quality under the context of global warming and growing population. *Lupinus luteus* stands out as an agronomic resilient, high-protein crop, but its genetic potential remains underexplored. In this study we employed EMS-induced mutagenesis to generate six *Lupinus luteus* mutant lines characterized by an increased seed volume and weight. Using whole-genome resequencing (WGS), we mapped the mutational landscape across the 26 chromosomes and identified key SNPs, InDels, and structural variations (SVs). Functional analysis through SnpEff software, highlighted high-impact mutations in genes related to photosynthesis and energy metabolism, suggesting a link between primary metabolic efficiency and seed biomass accumulation. These results provide insights into genetic variability generated through EMS-induced mutagenesis and help to elucidate the molecular mechanisms underlying seed development in *L. luteus*, thereby contributing to legume genomics-assisted breeding programmes.

GMV 2

VARIABILIDAD GENOTÍPICA EN LA RESPUESTA AL ESTRÉS SALINO EN ETAPAS TEMPRANAS DEL DESARROLLO DEL TOMATE

Baez M.E.^{1,2}, Carranza J.², Randisi G.², Curti L.², Rodríguez G.^{1,2}, Cambiaso V.^{1,2}. ¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), ² Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (FCA-UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina. baezmariamaria.uni@gmail.com

El estrés salino en etapas tempranas del desarrollo limita el crecimiento y reduce el rendimiento en el tomate (*Solanum lycopersicum* L.), siendo las especies silvestres una fuente potencial de alelos para la tolerancia. El objetivo fue analizar la tolerancia a la salinidad en etapas germinativa y vegetativa en un conjunto de 24 accesiones: 15 genotipos cultivados (CDG) y 9 silvestres (SLV). Se aplicaron seis tratamientos (TS): T0 agua destilada (0,02 mS/cm); T1 agua de ósmosis (0,08 mS/cm) y T2 agua freática (1,88 mS/cm); soluciones de NaCl: T3, 50 mM (4,48 mS/cm); T4, 100 mM (7,55 mS/cm) y T5, 150 mM (10,19 mS/cm). En germinación (n = 1560), se evaluaron cinco variables; mientras que en etapa vegetativa (n=1215) siete, entre ellas; área foliar (AF), peso seco (PS) y fresco (PF) de las plántulas. Para todas las variables se calculó la diferencia (Δ) respecto de T0 y se realizó con todas ellas un análisis de componentes principales (PCA). T3 resultó el tratamiento más discriminatorio, siendo las variables asociadas a biomasa (PF, PS, AF) las principales responsables de la separación. Asimismo, se identificaron como genotipos más tolerantes a SLV02, CDG95, CDG97, CDG81 y CDG05. Los resultados evidencian variabilidad en la tolerancia a la salinidad en etapas tempranas, específica de cada genotipo e independiente del tipo de germoplasma.

GMV 3

EPIGENETIC MODULATION VIA DNA METHYLATION AND HISTONE HYPERACETYLATION IN SOYBEAN SEEDLINGS UNDER OSMOTIC STRESS

Felipe Cruz P.¹, Jardim Da Silva D.¹, Grativol C.¹,¹
State University of Northern Rio de Janeiro (UENF),
Brasil. Felipe.cpaula64@gmail.com

Soybean (*Glycine max*), a legume of great global economic and nutritional importance, has approximately 50% of its production affected by abiotic stresses, a situation exacerbated by climate change. Thus, epigenetic mechanisms may aid in plant adaptation to these stresses, making them targets for biotechnological tools such as seed priming. To investigate the impact of DNA methylation and histone hyperacetylation in soybean seedlings under osmotic stress, the effects of 5-azacitidine (5-azaC) and sodium butyrate (NaB) were evaluated, in addition to an *in silico* analysis of the expression and methylation of genes associated with epigenetic regulation. Seeds were pre-germinated in NaB (200 μ M) and 5-azaC (25 μ M) for 5 hours and cultured in 1/10 MS medium with 150 mM mannitol to induce osmotic stress for 10 days. Root growth, biomass, and chloroplast pigments were assessed. *In silico* epigenomic analyses utilized the Soybean Expression Atlas and the MethylC-seq approach in the CG, CHG, and CHH contexts. NaB alone stimulated root growth and, under stress, increased chlorophyll and carotenoid levels, with recovery of root metrics in NaB+mannitol. Treatment with 5-azaC reduced lateral roots and root length, with more pronounced effects in 5-azaC+mannitol. *In silico* analysis identified upregulated DNMT and HDAC genes and methylated regions in the CHH context. NaB and 5-azaC phenotypically modulate the effects of osmotic stress in soybeans through distinct epigenetic mechanisms, making them promising tools for cultivars that are more resilient to climate change.

GMV 4

RESISTENCIA A THRIPS TABACI EN ALLIUM SPP. SILVESTRES: EL ROL DE LA DIVERSIDAD DE LA PLAGA

Porta B.¹, Vosman B.², González Barrios P.¹, Burger-Meijer K.², Visser R.G.F.², Galván G.A.³, Scholten O.E.²,¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, ² Plant Breeding, Wageningen University and Research, Wageningen, The Netherlands, Holanda, ³ Departamento de Producción Vegetal, Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Progreso, Uruguay, bporta@fagro.ed.u.uy

La cebolla (*Allium cepa* L.) es un cultivo hortícola clave en Uruguay y el mundo. Su principal plaga es *Thrips tabaci*, una especie críptica, polífaga y resistente a insecticidas, dividida en dos grupos filogenéticos según su reproducción y rango hospedero: arrhenotokous y thelytokous. Dado que *A. cepa* carece de fuentes de resistencia, estas deben buscarse en sus parientes silvestres. Este estudio determinó los mecanismos de resistencia en parientes silvestres resistentes (R) y moderadamente resistentes (MR), y evaluó si ambos grupos filogenéticos de *T. tabaci* difieren en la superación de dicha resistencia. Se midieron tasas de oviposición, supervivencia y duración de etapas inmaduras de *T. tabaci* en genotipos de *Allium* infestados con poblaciones de ambos grupos. Las especies R (*A. prostratum*, *A. komarowii* y *A. flavescens*) bloquearon el ciclo del insecto en la etapa L1 o L2. *Allium prostratum* exhibió antibiosis, mientras que *A. flavescens* y *A. komarowii* mostraron antibiosis y antixenosis. Las especies MR (*A. angulosum*, *A. senescens* y *A. eduardii*) impidieron parcialmente el ciclo mediante ambos mecanismos. Los trips arrhenotokous (especialistas) presentaron mayor tasa de oviposición y menor supervivencia que los thelytokous (generalistas). Los thelytokous superaron la resistencia de las especies MR. En conclusión, la diversidad de la plaga influye en la interacción con el hospedero, y *A. prostratum* sería una fuente adecuada para la introgresión de resistencia en la cebolla cultivada.

GMV 5

ARQUITECTURA GENÉTICA DE LA RESISTENCIA A LA MARCHITEZ BACTERIANA EN PARIENTES SILVESTRES DE LA PAPA DE URUGUAY MEDIANTE GWAS

Núñez N.¹, Arias M.², Ferreira V.³, González-Barrios P.¹, Galván G.¹, Siri M.I.³, González-Arcos M.⁴, Vilaró F.¹, Speranza P.¹, Monteverde E.⁵, Gaiero P.¹. ¹ Facultad de Agronomía, UDELAR, Uruguay, ² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay, ³ Facultad de Química, UDELAR, Uruguay, ⁴ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay, ⁵ Department of Crop Sciences, University of Illinois, Estados Unidos. nicolasnl@fagro.edu.uy

Los parientes silvestres de la papa han sido reportados como fuentes promisorias de resistencia. Evaluaciones fenotípicas realizadas en una colección núcleo de especies de Uruguay (*Solanum commersonii*, *S. malmeanum* y *S. chacoense*) revelaron gran amplitud de respuestas frente a diversas enfermedades, entre las que se destaca la marchitez bacteriana (*Ralstonia solanacearum*). Se conoce poco sobre la arquitectura genética que subyace a estos mecanismos. Con el objetivo de dilucidar la base genética de la resistencia, se conformó un panel de diversidad integrado por 181 accesiones, con distintos niveles de ploidía. El panel fue fenotipado mediante un protocolo de evaluación a gran escala, utilizando una cepa agresiva de *R. solanacearum* (UY031). Se implementó una estrategia de genotipado por secuenciación (GBS) combinada con pipelines bioinformáticos adaptados a poblaciones de ploidía mixta, lo que permitió la identificación de un amplio repertorio de SNPs a partir de genomas de referencia disponibles. El análisis de la variación genética reveló una marcada estructuración poblacional, con tres grupos genéticos principales e individuos intermedios. En el comportamiento fenotípico, se encontraron diferencias en niveles de resistencia cuantitativa al patógeno, destacándose accesiones de *S. malmeanum*. Los análisis de asociación genómica identificaron 4 regiones relevantes en distintos cromosomas, destacándose genes que codifican para proteínas asociadas a la resistencia general a patógenos y con tolerancia a estrés por calor, con potencial para su pirimidación en la papa cultivada.

GMV 6

IDENTIFICACIÓN DE FACTORES GENÉTICOS RELACIONADOS CON LA RESISTENCIA SIMULTÁNEA AL CANCRO BACTERIANO Y MARCHITEZ BACTERIANA DEL TOMATE

Alvarez, A.¹, Vique B.¹, Siri M.I.², Galván G.³, González-Barrios P.⁴, González-Arcos M.⁵, Giacri V.¹, Boiteux L.⁶, Noronha Fonseca M.E.⁶. ¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay, ² Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay, ³ Departamento de Producción Vegetal-Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay, ⁴ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay, ⁵ INIA Salto Grande, Uruguay, ⁶ Embrapa Hortalizas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasil. alfonso.alvarez@fcien.edu.uy

El tomate (*Solanum lycopersicum*) es afectado por enfermedades bacterianas como el cancro bacteriano causado por *Clavibacter michiganensis* (Cm) y la marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* (Rs). Debido a las limitaciones del control químico, la resistencia genética constituye una herramienta clave para el mejoramiento vegetal. Nuestro grupo identificó previamente un alto nivel de resistencia simultánea a ambos patógenos en la línea "Ohio 4013". Con el objetivo de estudiar la base genética de esta resistencia, se generaron poblaciones derivadas de un cruzamiento biparental entre "Ohio 4013" y la línea susceptible "TS230" (P1, P2, F1, F2, F3 y F4), las cuales fueron evaluadas por su respuesta a la inoculación con Cm. El análisis de segregación en las poblaciones F1 y F2 se ajusta con la presencia de un gen recesivo de efecto mayor, hipótesis sometida a validación con el análisis de las poblaciones F3 y 116 líneas F4. Posteriormente, 32 líneas F4 representativas de la población fueron inoculadas con una cepa de Rs (Filotipo IIA) bajo condiciones controladas. Los resultados preliminares indican que el/los factor/es de resistencia identificados para Cm explicarían, al menos, una parte de la variabilidad asociada a la resistencia a Rs, identificándose líneas con alta resistencia simultánea a ambos patógenos que serán usadas en futuros análisis transcriptómicos. Actualmente se encuentra en curso el genotipado mediante el chip EMBRAPA multi-species 65k Infinium para el posterior mapeo de QTL asociados a la resistencia bacteriana en tomate.

Financiamiento: ANII, CSIC

GMV 7

ANÁLISIS MULTIVARIADO DE CARACTERES MORFOLÓGICOS EN HÍBRIDOS DEL GRUPO PLICATULA DE PASPALUM.

Villalba A.I.¹, Novo P.E.¹, Espinoza F.¹. ¹ Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET-UNNE; Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. augusto.i.v@hotmail.com

El grupo Plicatula comprende alrededor de 30 especies de importancia forrajera en los campos naturales de América. La mayoría son tetraploides apomícticas (4xA), con citotipos diploides sexuales y ausencia de 4x sexuales. *Paspalum plicatulum* 4x sexual, obtenido experimentalmente, se usó como madre en cruzamiento × *P. atratum* cv. Cambá FCA 4xA, obteniéndose 264 híbridos fértiles que segregaron para el modo reproductivo. El objetivo del estudio fue caracterizar morfológicamente parte de la F1 mediante análisis multivariados. Se evaluó una muestra aleatoria de 30 F1 (20 sexuales y 10 apomícticos) y los parentales. Se analizaron seis variables morfológicas: longitud (long.) de inflorescencia, long. de racimo basal y apical, long. y ancho de hoja y número de racimos con Análisis de Componentes Principales (ACP), análisis de conglomerados y distancias euclidianas. El ACP evidenció un marcado contraste morfológico entre los parentales y una distribución intermedia de la F1. Las dos primeras componentes explicaron el 67,5% de la variabilidad, asociada a la long. de inflorescencia, long. de racimo basal y apical, long. y ancho de hoja. Los análisis de distancias euclidianas y conglomerados revelaron que 11 F1 mostraron mayor proximidad multivariada al padre (3 apomícticos, 8 sexuales) y 19 mayor semejanza con la madre (7 apomícticos, 12 sexuales). Estos resultados evidencian distintos patrones de expresión fenotípica en la descendencia constituyendo una herramienta para la caracterización y selección de híbridos apomícticos superiores para ser usados en programas de mejoramiento.

GMV 8

MARCADORES SSR ASOCIADOS A UN QTL DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN TRIGO (CROMOSOMA 3A)

Cuyeu A.R.¹, Obregon S.O.², Vrdoljak J.², Randazzo C.P.², Pergolesi M.F.³, Ingala L.R.³, Sacco F.³, Dieguez M.J.³, Salerno J.C.^{1,4}. ¹ Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón, Argentina, ² Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, Argentina, ³ Instituto de Genética (IFEAF) -INTA, Argentina, ⁴ Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad del Salvador (USAL), Argentina. cuyeu.alba@inta.gob.ar

El trigo (*Triticum aestivum* L.) es uno de los cultivos más importantes para la alimentación humana y una fuente esencial de carbohidratos y proteínas. En Argentina, se cultiva desde el norte del país hasta el sur de la provincia de Buenos Aires. Su rendimiento puede verse afectado por enfermedades como la roya de la hoja, causada por el hongo biotrofo *Puccinia triticina*, que puede ocasionar pérdidas de entre el 5 y el 10 %. El uso de cultivares resistentes es una estrategia eficiente y sustentable. La variedad Buck Poncho presenta resistencia durable, aunque sus bases genéticas aún no han sido completamente caracterizadas. Estudios realizados sobre una población de 93 líneas recombinantes endogámicas (RILs), derivadas del cruzamiento Buck Poncho × Purplestraw, permitieron identificar genes de resistencia en los cromosomas 1A (Lr10) y 2D (Lr11 y scar32/35), además de cuatro QTL ubicados en los cromosomas 1B, 2B, 3A y 4D. El objetivo de este trabajo fue diseñar y evaluar marcadores SSR asociados con un QTL de roya de la hoja localizado en el cromosoma 3A. Para ello, se utilizó la secuencia del genoma de referencia Chinese Spring para diseñar 99 marcadores SSR próximos al QTL. Posteriormente, se evaluaron 24 marcadores en los parentales mediante PCR. Cinco marcadores fueron polimórficos (20,83 %), ocho monomórficos (33,33 %) y once no amplificaron (45,84 %). Los marcadores polimórficos serán analizados en la población de RILs para determinar su ligamiento con el QTL. Su identificación contribuirá a la selección asistida y al desarrollo de variedades de trigo con mayor resistencia a la roya de la hoja.

GMV 9

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE PROCEDENCIAS NATURALES DE *EUCALYPTUS SMITHII*: IMPLICANCIAS PARA EL MEJORAMIENTO

Torres-Dini D.¹, Da Silva A.², Smith S.³, Vaughan B.⁴, Gore P.⁴, Sebbenn A.⁵, Resquín F.¹. ¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay, ² Polo Tecnológico UTU, Tacuarembó, Uruguay, ³ The University of Queensland, Australia, ⁴ Seed Energy, Australia, ⁵ Instituto Florestal de São Paulo, Brasil. dtorres@inia.org.uy

Eucalyptus smithii es una especie promisorio para la forestación en regiones templadas, pero la información genética esencial para su mejoramiento y conservación es escasa. Se genotipificaron 89 individuos de 14 procedencias naturales de Nueva Gales del Sur, Australia, utilizando 12 marcadores microsatélites EST desarrollados para *E. grandis* y con transferibilidad demostrada en múltiples especies del género. Se detectó alta diversidad genética, comparable a especies de *Eucalyptus* de importancia comercial (He medio= 0,773; 14 alelos/locus; 168 alelos totales). El déficit de heterocigotos observado (FIS= 0,221) se correlacionó fuertemente con la frecuencia de alelos nulos en tres loci (EMBRA1616, EMBRA1364, EMBRA915; FNull > 0,17), más que con endogamia biológica. Excluyendo estos loci, el FIS corregido fue 0,121, indicando un sistema de apareamiento predominantemente alógamo. El análisis bayesiano (STRUCTURE) identificó K=3 componentes ancestrales distribuidos en todas las procedencias sin partición geográfica clara. La diferenciación estandarizada entre procedencias fue baja (G'ST= 0,132), con 86,8% de la diversidad distribuida dentro de las procedencias, consistente con una metapoblación conectada. El dendrograma de neighbor-joining no mostró agrupamiento por procedencia. Estos resultados apoyan estrategias flexibles de conservación y mejoramiento, priorizando la diversidad de familias sobre el origen geográfico para maximizar la diversidad genética y el tamaño efectivo poblacional.

GMV 10

CARACTERIZACIÓN DE LA PARED DEL GRANO DE POLEN EN RELACIÓN CON LA ANDROESTERILIDAD EN ALCAUCIL (*CYNARA CARDUNCULUS* VAR. *SCOLYMUS*)

Vega T.A.¹, Rodríguez R.², Bianchi M.³, Zayas A.⁴, Martín E.¹

¹ Instituto de Investigaciones de Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, CONICET-UNR), Argentina, ² Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR, CONICET), Argentina, ³ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina, ⁴ Mabxience S.A.U., Argentina. tvega@unr.edu.ar

La identificación de fuentes de androesterilidad ha permitido el desarrollo de híbridos en diferentes cultivos, constituyendo un hito en el mejoramiento vegetal por su impacto en el rendimiento. En alcaucil (*Cynara cardunculus* var. *scolymus*), desde hace unos años se comercializan híbridos utilizando un progenitor femenino androestéril de manera de asegurar el cruzamiento, aunque este carácter ha sido poco estudiado. En este contexto, nuestro grupo desarrolló una población segregante para el carácter androesterilidad que ha sido previamente caracterizada fenotípicamente, en la que se identificaron tres clases: androfértiles (PF), androestériles (MS) y con producción de polen disminuida (PP), este último con un comportamiento similar a MS. Con el objetivo de evaluar la morfometría y estructura de anteras y granos de polen y determinar las características estructurales asociadas a la androesterilidad, se colectaron botones florales de al menos cinco plantas de cada uno de los tres fenotipos. El material se analizó mediante microscopía de contraste de interferencia diferencial (DIC), determinando tamaño y forma del grano de polen. La anatomía de 5 botones florales de cada fenotipo se analizó por microscopía óptica por corte y tinción con colorantes específicos para pared celular y depósitos de calosa. Los resultados mostraron diferencias morfológicas entre los granos de plantas PF y PP, lo que sugiere que cambios en la morfología de los granos de polen son suficientes para determinar su inviabilidad, explicando el comportamiento androestéril en plantas que producen granos (PP).

GMV 11

ASSESSMENT OF GENETIC AND PHYTOCHEMICAL VARIATIONS AMONG *MOMORDICA CHARANTIA* L. NATURAL POPULATIONS

Pimentel Batitucci, M.C.¹, Mantovanelli Da Mota M.¹, Da Luz A.C.¹, Rodrigues Pretti I.¹, Vencioneck Dutra J.C.². ¹Universidade Federal do Espírito Santo, Brasil, ² Instituto Federal Do Espírito Santo, Brasil. docarmo_batitucci@yahoo.com.br

Momordica charantia L. belongs to the family Cucurbitaceae and is commonly known as bitter melon or bitter gourd. As a medicinal plant, it has been reported to exhibit antidiabetic, carminative, anthelmintic, antimicrobial, antiviral, anticancer, and antioxidant properties. This study assessed the genetic and phytochemical variability among seven populations of *M. charantia* in Espírito Santo State, Brazil, and investigated the correlation between genetic and environmental factors and the accumulation of bioactive compounds. A total of 70 individuals (10 per population) were sampled from seven municipalities across Espírito Santo State, representing distinct environments with contrasting edaphoclimatic conditions. Genetic diversity among *M. charantia* populations was assessed using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers, while the chemical composition and antioxidant activity of the extracts were analyzed to evaluate phytochemical variability. Amplification of genomic DNA with 18 ISSR primers yielded 119 discernible bands, 56.35% of which were polymorphic. Analysis using the unweighted pair-group method with arithmetic averages (UPGMA) based on ISSR data grouped the populations into two main clusters, with relatively high similarity among samples. Cluster analysis and principal component analysis (PCA) were used to characterize the samples according to total phenolic content and antioxidant activity. Total phenolic content ranged from 18.87 to 44.27 mgGAE.g⁻¹, while ABTS radical scavenging activity showed IC₅₀ values ranging from 390.64 to 865.37 µg.mL⁻¹. The results revealed phytochemical variation among the populations, indicating that differences in phytochemical composition were influenced by both environmental and genetic factors

GMV 12

IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA BIOSÍNTESIS DE RUTINA EN ESPÁRRAGO (*ASPARAGUS OFFICINALIS* L.)

Martin E.A.¹, Martina M.², Acquadro A.², Portis E.², Cacchiarelli P.¹, Darfe Retuerta C.D.¹. ¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET), Argentina, ² Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari (DISAFA-UNITO), Italia. martin@iicar-conicet.gob.ar

El espárrago (*A. officinalis* L.) es considerado un alimento funcional debido a la presencia de compuestos bioactivos con actividad antioxidante, entre los que se destaca la rutina. Dado que las bases genéticas de su biosíntesis son aún poco conocidas en la especie, el objetivo fue identificar genes candidatos asociados a esta vía metabólica. Para ello se utilizaron genotipos de los cv. Argenteuil y UC157, implantados en el Campo Exp. de la FCA-UNR bajo idénticas condiciones de cultivo. Ambos materiales fueron previamente evaluados para el contenido de rutina, detectando diferencias significativas y consistentes entre campañas. La extracción de ADN se realizó con kit comercial y la calidad y cuantificación se determinó con NanoDrop. Posteriormente se efectuó la secuenciación del genoma completo (WGS) en la plataforma Illumina NovaSeq X Plus (Novogene). A partir de las lecturas con calidad QC>30 y considerando la alta heterocigosidad de la especie (dioca), el ensamblado de novo manejó haplotipos divergentes, que posteriormente fueron optimizados utilizando como referencia a *Aspof.V1*, obteniéndose una cobertura de ~60X. El análisis de variantes permitió identificar más de 17 millones de SNPs y ~1,1 millones de InDels. La anotación funcional reveló polimorfismos en múltiples genes candidatos asociados a la biosíntesis de flavonoides, incluyendo variantes de alto impacto en genes de chalcona sintasa (CHS) y UDP-glicosiltransferasas (UGT). Estos resultados sugieren posibles alteraciones en la biosíntesis de rutina, un compuesto derivado de flavonoides, donde CHS cataliza el primer paso y UGT la glicosilación final, aportando información relevante para futuros estudios de calidad nutracéutica.

GMV 13

IDENTIFICACIÓN DE ALELOS S DE INCOMPATIBILIDAD GAMETOFÍTICA EN EL CULTIVAR URUGUAYO DE MANZANO 'GVU YVYRÁ'

Dini M.¹, Iriarte W.¹, Menoni M.¹, Carra B.¹, Montaldo P.¹, Rodríguez P.¹, Bonecarrere V.¹. ¹ INIA, Uruguay. mdini@inia.org.uy

El manzano (*Malus × domestica* Borkh.) es una especie diploide ($2n = 2x = 34$) alógama que presenta autoincompatibilidad gametofítica, determinada por alelos S. En el contexto del mejoramiento genético y del recambio varietal, los nuevos cultivares pueden originarse por mutaciones (espontáneas o inducidas) o por hibridación. En el primer caso, los alelos S suelen ser conocidos, ya que raramente difieren de la planta original. En cambio, en cultivares derivados de cruzamientos, la combinación de alelos S depende de los parentales. El cultivar uruguayo 'GVU Yvyrá' es el resultado del cruzamiento entre 'Red Delicious' (S9S28) y 'Condessa' (S2S4), por lo que las combinaciones posibles de alelos S eran S2S9, S2S28, S4S9 y S4S28. El objetivo de este trabajo fue identificar los alelos S presentes en el cultivar 'GVU Yvyrá'. Para ello se genotipificaron los alelos S mediante PCR con oligonucleótidos alelo-específicos (S2: OWB122/OWB123, S4: FCT5/OWB249, S9: OWB154/OWB155 y S28: Sesense/Se-antisense). Las PCR se realizaron con mix comercial (MyFi Mix) en las siguientes condiciones: desnaturalización inicial a 94°C por 6 min, 30 ciclos de 94°C por 1 min, 58-64°C por 1 min y 72°C por 1 min y extensión final a 72°C por 6 min. Los productos de PCR obtenidos se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2%. Los resultados indicaron que 'GVU Yvyrá' presenta la combinación S2S9. Esta información es fundamental para la correcta selección de polinizadores compatibles y para el diseño de montes comerciales, considerando la coincidencia fenológica y la compatibilidad genética.

GMV 14

FILOGENÓMICA DE FEIJOA SELLOWIANA BASADA EN PAN-PLASTOMA

Pesce M.¹, Oberti H.¹, Vaio M.¹, Pritsch C.¹. ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. mpescelopez@gmail.com

Feijoa sellowiana (O. Berg) O. Berg, o feijoa, es un frutal nativo de Uruguay (Uy), Brasil (Br), y Argentina (Ar). Las relaciones filogenéticas entre feijoa silvestres son aún preliminares a nivel regional, así como sus contribuciones en el proceso de domesticación y mejoramiento. Para conocer las relaciones entre accesiones silvestres, domesticadas y cultivares, en este estudio se secuenciaron (DNBSEQ 2x150 pb, 951x), ensamblaron y anotaron los plastomas de un total de 33 accesiones procedentes de Uy (9), Ar (3), Br (14) y Nueva Zelanda (Nz, 7); se estudió la diversidad nucleotídica y se analizaron las relaciones filogenéticas basadas en plastomas mediante máxima verosimilitud, inferencia bayesiana y redes de haplotipos. El largo del pan-plastoma de feijoa varió entre 159.330-159.401 pb; codificó para 117 genes únicos; tres regiones intergénicas resultaron hipervariables. Se detectaron 51 Indels y 135 SNPs que determinaron 13 haplotipos. Los análisis filogenéticos coincidieron en resolver dos clados. El clado 1 incluyó a la mayoría de las accesiones de Br y se correspondió con el haplogrupo (Hg) 1 (6 haplotipos). El clado 2 agrupó las restantes accesiones y presentó dos subclados. El subclado 2.1 (Hg 2; 4 haplotipos) agrupó todas las accesiones de Ar, y algunas de Br; el subclado 2.2 (Hg 3; 2 haplotipos) incluyó todas las accesiones Uy y casi todas de Nz, indicando, por primera vez, al menos dos linajes de feijoa para Uy. Este trabajo contribuye al conocimiento de la historia evolutiva de feijoa así como de los procesos recientes de domesticación y mejoramiento genético.

GMV 15

DESARROLLO DE CAÑA DE AZÚCAR TRANSGÉNICA CON GENES BT RESISTENTES A *DIATRAEA SACCHARALIS*

Budeguer F.¹, Enrique R.¹, Degano F.G.², Rodríguez D.², Gastaminza G.², Ostengo S.¹, Noguera A.S.¹, Perera M.F.¹, Racedo J.I.¹ ¹ Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA)– EEAOC, Argentina, ² Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Las Talitas, Tucumán, Argentina. florbudeguer88@gmail.com

Diatraea saccharalis (Fabricius) (Lepidoptera: Crambidae) es una de las principales plagas del cultivo de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) en América. El desarrollo de variedades Bt con genes piramidados constituye una estrategia para retardar la evolución de la resistencia al combinar proteínas insecticidas con diferentes sitios de acción. El objetivo del presente trabajo fue obtener y caracterizar eventos Bt piramidados mediante la cointroducción de genes cry y vip en la variedad TUC 03-12 mediante bombardeo de microproyectiles sobre callos embriogénicos. La integración de ambos transgenes se confirmó por PCR en 18 líneas regeneradas, mientras que 229 resultaron positivas únicamente para cry, con una eficiencia de transformación del 6,2%. La expresión génica se evaluó por RT-qPCR, evidenciando incrementos de 3–140 veces para cry y de 2–1400 veces para vip respecto al control. La presencia simultánea de las proteínas Cry y Vip se detectó mediante ensayos de flujo lateral en tres eventos (114, 157 y 294), los cuales mostraron alta mortalidad larval (67–98%) en bioensayos con *D. saccharalis*. La acumulación de proteína Cry alcanzó hasta 500 ng g⁻¹ en la línea 294. Los eventos piramidados identificados constituyen materiales promisorios para evaluaciones posteriores y demuestran la factibilidad de obtener caña de azúcar Bt con expresión funcional de ambos genes, aportando una estrategia biotecnológica para una resistencia más durable frente a *D. saccharalis*.

GMV 16

HIBRIDACIÓN INTERESPECÍFICA EN *PASPALUM*: SEGREGACIÓN DEL MODO REPRODUCTIVO Y FERTILIDAD

Morales S.E.¹, Espinoza F.^{1,2}, Villalba A.I.^{1,2}, Novo P.E.^{1,2}. ¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), Argentina, ² Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Argentina. santosexequi809@gmail.com

El grupo Plicatula del género *Paspalum* incluye 30 especies, muchas integrantes de pasturas subtropicales y tropicales. Una gran proporción constituyen complejos agámicos, en los que un mismo taxón presenta citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos, generalmente tetraploides. La apomixis representa una limitante para el mejoramiento genético; sin embargo, a partir de un material diploide de *P. chaseanum* Parodi, mediante duplicación cromosómica se obtuvo una planta tetraploide sexual (4xS) *P. chaseanum* I4C, utilizable como madre en cruzamientos con genotipos 4x apomícticos (4xA). Los objetivos fueron: a) obtener híbridos interespecíficos entre *P. chaseanum* I4C 4xS y *P. lenticulare* Kunth TK2417 4xA, b) analizar el modo reproductivo y la fertilidad de la progenie. Se polinizaron 2195 espiguillas, de las cuales 125 formaron grano. La germinación fue del 53,6 % (67 plántulas) y sobrevivieron 45 individuos. El modo reproductivo se evaluó en 43 plantas mediante clarificado de ovarios y observación con microscopio DIC. Treinta y siete individuos presentaron sacos embrionarios meióticos tipo Polygonum, evidenciando reproducción sexual, mientras que seis mostraron sacos apospóricos y/o mixtos, indicando reproducción apomíctica. La producción de semillas se evaluó en una muestra de diez individuos y osciló entre 0,1 % y 8,5 % en autopolinización y entre 1,3 % y 15,9 % en polinización libre. Estos resultados demuestran la viabilidad de obtener híbridos interespecíficos fértiles con segregación del modo reproductivo y su potencial para el mejoramiento de *Paspalum*.

GMV 17

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y MOLECULAR ASOCIADA AL COLOR DE PULPA EN GUAYABAS (*PSIDIUM GUAJAVA*, MYRTACEAE) NATIVAS DE MISIONES

Troche O.N.¹, Barrandeguy M.E.¹, Goncalves A.L.¹, Maciel M.A.¹, García M.V.¹. ¹ Laboratorio Genética de Poblaciones y del Paisaje, FCEQyN, UNaM. Instituto de Biología Subtropical (UNaM - CONICET) Misiones, Argentina. trocheomar97@gmail.com

Psidium guajava L. es una especie Neotropical nativa cuyos frutos se consumen frescos y en productos derivados. Con el objetivo de determinar si los frutos con diferente color de pulpa presentan diferencias en caracteres de tamaño y forma, y en la secuencia del gen candidato fitoeno sintasa 2 se analizaron 22 frutos de siete árboles localizados en Misiones y se midieron 35 caracteres morfológicos asociados al tamaño y forma del fruto. Se realizó un análisis de componentes principales, una prueba de Mann-Whitney-Wilcoxon entre los caracteres morfológicos según el color de la pulpa y un PERMANOVA para analizar la distribución de la variabilidad fenotípica. Se secuenció el gen candidato en individuos con fruto rosado, amarillo y blanco y se identificaron variantes potenciales como marcadores genéticos asociados al color de pulpa. El componente 1 resumió ~50% de la variabilidad siendo largo del eje longitudinal, espesor y área del pericarpio los caracteres con mayor aporte. El componente 2 resumió ~20% de la variabilidad siendo índice ovoidal, posición del ancho máximo y forma triangular los caracteres con mayor aporte. Entre frutos de diferente color de pulpa se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas para los caracteres con mayor aporte al componente 1 y se obtuvo un $R^2 = 0,37$ considerando los primeros 11 caracteres de mayor aporte a este componente indicando diferencias morfológicas asociadas al color de pulpa. En el gen candidato se identificaron 24 SNPs de los cuales 13 mostraron un patrón diferencial que caracteriza al fenotipo de pulpa blanca.

GMV 18

RELACION ENTRE EL RENDIMIENTO DE BIOMASA OTOÑO-INVERNAL Y PRIMAVERA-ESTIVAL EN UNA POBLACIÓN DE MAPEO DE *PASPALUM NOTATUM*

Ponce N.A.¹, McLeanc G.D.², Marcón F.¹, Brugnoli E.A.¹, Zilli A.L.¹, Almeida M.V.³, Tamborelli M.R.⁴, Barbera P.⁴, Acuña C.A.¹, Martínez E.J.¹. ¹ Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes; Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina, ² Estación Experimental Agropecuaria Mercedes, INTA, Corrientes, Argentina, ³ Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina, ⁴ Estación Experimental Agropecuaria Mercedes, INTA, Corrientes, Argentina. nahuel10ponce10@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea C4 perenne nativa de los pastizales de América del Sur, cuya producción de biomasa otoño-invierno es marcadamente reducida respecto de primavera-verano. El objetivo fue evaluar la asociación entre el rendimiento de biomasa otoño-invernal (RBI) y primavera-estival (RBV) en híbridos tetraploides (4x) de *P. notatum* cultivados en dos localidades de la provincia de Corrientes (FCA-UNNE y EEA-INTA Mercedes), con condiciones térmicas contrastantes. Se evaluaron 182 híbridos F1 obtenidos mediante cruzamientos controlados entre un genotipo sexual 4x, con buena producción otoño-invierno, y el cultivar apomítico Argentine 4x, de bajo crecimiento invernal, durante dos ciclos (2022-2024). Los datos se analizaron mediante modelos lineales mixtos ajustados por máxima verosimilitud restringida, estimándose medias ajustadas por genotipo. Se analizaron por separado los períodos otoño-invierno y primavera-estival de los ciclos 2022-2023 y 2023-2024. En ambos años se detectó una correlación positiva y significativa entre RBI y RBV. En el primer ciclo, un incremento de 1 g en RBI se asoció con un aumento de 1,23 g en RBV ($p < 0,001$; $R^2 = 0,26$), mientras que en el segundo ciclo la relación fue cercana a 1:1 ($p < 0,001$; $R^2 = 0,20$). Estos resultados indican ausencia de antagonismo genético entre ambos caracteres, ya que la selección por mayor producción otoño-invernal favorece simultáneamente el rendimiento primavera-estival. En conclusión, sería factible desarrollar genotipos con una oferta forrajera más equilibrada durante todo el año.

GMV 19

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE *ARACHIS VILLOSA* BENTH. (FABACEAE) DE URUGUAY MEDIANTE GENOTIPADO CON SNPS

Da Luz-Graña C.¹, Naya I.¹, Vaio M.¹, Vidal R.¹. ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. cdaluz@fagro.edu.uy

Arachis villosa Benth. es una especie diploide ($2n=20$) asociada al corredor fluvial Uruguay–Río de la Plata y pariente silvestre del maní cultivado (*Arachis hypogaea* L.). Su valor como reservorio de diversidad genética para programas de mejoramiento contrasta con el escaso conocimiento de su estructura poblacional. Con el objetivo de caracterizar la diversidad y estructura genética intra e interpoblacional, se analizaron tres poblaciones uruguayas: Rincón de Franquía (FR, norte), Esteros de Farrapos (EF, oeste) y Boca de Mauricio (BM, sur), con 31 individuos por población ($n=93$). El genotipado se realizó con el chip Axiom_Arachis2 (47.837 SNPs totales), resultando en 1.369 SNPs (PHR) informativos tras los controles de calidad. La estructura poblacional fue evaluada mediante FST por pares y análisis multivariados. Los valores de heterocigosidad esperada (H_e) fueron 0.23 (FR), 0.06 (EF) y 0.02 (BM), indicando baja diversidad dentro de las poblaciones y un gradiente decreciente de norte a sur. El FST global fue de 0.56, evidenciando alta diferenciación interpoblacional y flujo génico reducido, consistente con un escenario de aislamiento entre poblaciones posiblemente asociado a la fragmentación del hábitat ribereño y al modo reproductivo de la especie. Estos hallazgos tienen implicancias directas para la conservación ex situ: las tres poblaciones representan acervos genéticos independientes y complementarios, lo que refuerza la necesidad de incluirlas separadamente en colecciones de germoplasma.

GMV 20

DIVERSIDAD GENÉTICA Y ASIGNACIÓN VARIETAL DE CAFÉS DE ESPECIALIDAD MEDIANTE GENOTIPADO SNP EN JAÉN Y SAN IGNACIO, NORESTE DEL PERÚ

Cruz-Ludeña J.¹, Tineo D.², Valdeiglesias³, Taboada-Mitma V.², Álvarez-Robledo Y.², Gómez-Fernández D.², Goñas M.². ¹ Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú, ² Instituto Nacional de Innovación Agraria, Perú, ³ Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Perú. jcruzlude@gmail.com

La diversidad varietal del café (*Coffea arabica* L.) es fundamental para la sostenibilidad, productividad y resiliencia de los sistemas cafetaleros en el norte del Perú, donde el continuo intercambio de germoplasma genera una compleja estructura genética. El objetivo fue evaluar la afinidad genética y asignación varietal de materiales de Jaén y San Ignacio mediante genotipado SNP. Se seleccionaron 198 árboles en 150 fincas (gradiente altitudinal 800–2000 m.s.n.m.), considerando variedades reportadas como Anacafé 14, Costa Rica 95, Pache, Parainema y otras denominaciones locales. Se caracterizaron mediante secuenciación de próxima generación (NGS) en el Ion GeneStudio System. Se integraron 160 muestras curadas al panel WCR-LDP (1420 referencias), empleando 32 SNP validados. El análisis incluyó distancia genética, allele-sharing, componentes principales (PCA) y clasificación kNN ($K=15$), con 91.2% de precisión. Los resultados evidenciaron elevada diversidad y mezcla varietal, con agrupamientos parciales por origen y variedad comercial. Se identificaron 30 muestras con asignación fuerte, 30 moderada, 34 débil y 66 no concluyentes (60 con asignación probable). Las denominaciones tradicionales no siempre reflejan la relación genética real, evidenciando un histórico flujo de germoplasma. En conclusión, el panel internacional fortaleció la interpretación genética local y demostró el potencial molecular para la trazabilidad. Se recomienda ampliar marcadores SNP, incluir controles conocidos y usar datos agronómicos para incrementar la precisión de futuras asignaciones.

GMV 21

PREDICCIÓN GENÓMICA MULTIMODAL: INTEGRACIÓN DE ARQUITECTURAS DE DEEP LEARNING Y DE GRADIENT BOOSTING PARA CAPTURAR LAS INTERACCIONES GENOTIPO-AMBIENTE.

Berro I.¹, Sarachu S.², Abatte I.², Ledesma J.², Lecumberry F.², Fariello M.I.³. ¹ Facultad de Agronomía, Uruguay, ² Facultad de Ingeniería, Uruguay, ³ Facultad de Ingeniería, Universidad ORT, Uruguay. inesberro@fagro.edu.uy

La optimización de la predicción del rendimiento constituye un desafío para el mejoramiento genético de plantas debido a la interacción genotipo-ambiente (IGA), que dificulta la identificación de variedades superiores en contextos de alta variabilidad climática. En este contexto, los enfoques de aprendizaje automático multimodal, que integran información proveniente de múltiples fuentes, ofrecen nuevas oportunidades para mejorar la precisión predictiva. Este trabajo evalúa modelos que integran información genómica y ambiental para predecir el rendimiento. Los datos fenotípicos provienen de ensayos multiambientales estandarizados del proyecto Genomes to Fields, que comprenden 210 combinaciones de año-localidad en Estados Unidos. Se utilizaron 5.144 marcadores moleculares (SNP) y datos ambientales, incluidas variables meteorológicas y edáficas. Se implementaron y compararon modelos de ensamble de árboles (XGBoost), redes neuronales profundas (DNN) con ramas diferenciadas para datos genómicos y ambientales, y modelos lineales mixtos con estructura Factor Analytic. La habilidad predictiva (HP), medida como la correlación entre valores observados y predichos, se evaluó bajo dos esquemas: híbridos desconocidos (HD), para predecir el rendimiento de nuevos genotipos en ambientes conocidos, y ambientes desconocidos (AD), para simular la predicción del rendimiento en ambientes futuros. La integración multimodal superó de forma consistente a los modelos basados en una única fuente de información. En HD, XGBoost alcanzó la mayor HP (0,73), mientras que en AD las DNN presentaron el mejor desempeño (0,60). Estos resultados destacan el potencial de los enfoques multimodales para mejorar la predicción del rendimiento y favorecer la selección de híbridos mejor adaptados a futuros ambientes. Palabras clave: predicción genómica, Machine Learning, Multimodalidad, Interacción GenotipoAmbiente.

GMV 22

EFFECTO DE LA MATRIZ DE PARENTESCO GENÓMICO SOBRE LA PRECISIÓN DE PREDICCIÓN EN HÍBRIDOS DE EUCALYPTUS

Quezada M.¹, Vivián R.¹, Duarte D.², Aguilar I.³. ¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay, ² UPM-Forestal Oriental, Uruguay, ³ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. mquezada@fagro.edu.uy

La selección genómica (SG) constituye una herramienta eficaz en el mejoramiento forestal, permitiendo incrementar la precisión de los valores de cría y acortar los ciclos de mejora. La hibridación interespecífica es una estrategia ampliamente utilizada para combinar características entre especies. Sin embargo, los modelos convencionales de SG no consideran las diferencias en las frecuencias alélicas entre especies, limitando la precisión de predicción en poblaciones híbridas. Este trabajo comparó seis modelos singlestepGBLUP, modelando el efecto especie y cruza por medio de la matriz de parentesco genómico (G). Se evaluó una población de 3806 individuos (cinco ensayos), de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden, *Eucalyptus dunnii* Maiden e híbridos, fenotipados para caracteres de producción y calidad pulperable. Se compararon matrices G construidas utilizando frecuencias alélicas globales, especie-específicas y ajustadas mediante metafundadores. Todos los modelos presentaron capacidades predictivas elevadas (>0,50), evaluadas mediante validación cruzada estratificada de 10-fold. El modelo basado en frecuencias alélicas fijas (0,5) mostró el mejor desempeño, alcanzando precisiones entre 0,91 y 0,93, seguido por el modelo que incluye una matriz genómica ajustada por frecuencias alélicas especie-específica (0,83-0,85). Sin embargo, se observaron cambios importantes en el ranking de selección de parentales y progenie entre modelos genómicos. Estos resultados evidencian la importancia de ajustar adecuadamente la matriz G en evaluaciones conjuntas de especies puras e híbridos.

GMV 23

CUANTIFICACIÓN DE LA CONTRIBUCIÓN DE LA GENÉTICA, EL CLIMA Y EL MANEJO AGRONÓMICO A LAS GANANCIAS DE RENDIMIENTO DE CEBADA (*HORDEUM VULGARE* L.) EN URUGUAY

Verocai M.¹, Gonzalo Rizzo G.², Sánchez V.², Olivieri V.³, Rodríguez F.², Gancio A.², Mazzilli S.⁴, Castro A.².

¹ Departamento de Producción Vegetal, Estación Experimental, Uruguay, ² FAGRO-UdelaR, Uruguay, ³ INASE, (Uruguay), ⁴ INIA, Uruguay. mverocai@fagro.edu.uy

Aumentar la ganancia genética en cebada cervecera (*Hordeum vulgare* L.) requiere determinar cuánto del progreso observado en rendimiento responde al mejoramiento y cuánto se asocia con cambios en el clima o el manejo agronómico. En este trabajo se integraron registros de rendimiento de productores, datos de la red nacional de evaluación de cultivares y simulaciones con CERES-Barley para desagregar la ganancia de rendimiento registrada en Uruguay durante los últimos 17 años. El modelo fue calibrado con información multiambiente de fenología, rendimiento y manejo, y se estimaron los coeficientes genéticos de una variedad comercial de referencia (Danielle). La tendencia total del rendimiento (β_{total}) se calculó a partir de registros de productores. La contribución genética ($\beta_{\text{genética}}$) se estimó con datos de la red INIA-INASE, ajustando el rendimiento de los cultivares y relacionándolo con su año de ingreso a la red. El efecto climático (β_{clima}) se cuantificó mediante simulaciones con genotipo y manejo constantes, en las que solo varió el clima histórico. El componente asociado al manejo agronómico (β_{manejo}) se estimó por diferencia: $\beta_{\text{manejo}} = \beta_{\text{total}} - \beta_{\text{genética}} - \beta_{\text{clima}}$. La ganancia total fue de 88.0 kg ha⁻¹ año⁻¹, de los cuales 18.1 kg ha⁻¹ año⁻¹ correspondieron a la genética. El clima presentó una tendencia de -8,2 kg ha⁻¹ año⁻¹, mientras que el componente residual asociado al manejo fue de 78,1 kg ha⁻¹ año⁻¹. El progreso productivo estuvo principalmente asociado al manejo agronómico; la genética contribuyó positivamente y el clima redujo parcialmente la ganancia alcanzada.

GMV 24

EFFECT OF HISTONE DEACETYLASE INHIBITION ON THE DEVELOPMENT OF MAIZE SEEDLINGS AND ITS POSSIBLE RELATIONSHIP TO THE SEED'S RESIDENT MICROBIOME

Jardim da Silva D.¹, Felipe Cruz P.², Grativol C.^{2, 1}

State University of Northern Rio de Janeiro, Brasil,

² State University of Northern Rio de Janeiro, Brasil. danieljardimdasilva@gmail.com

Maize (*Zea mays* L.) is one of the world's most important cereal crops. Histone modifications play an important role in the regulation of gene expression and plant development. Sodium butyrate (NaB), a histone deacetylase (HDAC) inhibitor, has been widely used to investigate the potential effects of histone acetylation. We evaluated the effects of NaB on the development of disinfected (DS) and undisinfected (NDS) maize seedlings, as well as the possible influence of seed-associated microorganisms. Four groups were analyzed (DS and NDS controls, with and without 0.2 mM NaB). After 6 days of imbibition, stem and root development, and photosynthetic pigments of the seedlings were evaluated. In parallel, an *in silico* differential analysis, using the MaizeGDB and UniProt databases, identified genes expressed in seeds, embryos, and root tissues, along with their biological functions. NaB increased chlorophyll and carotenoid levels in DS seedlings without altering root length compared to treated NDS seedlings. Differential expression analysis identified 4 up-regulated genes in embryos (20 DAP) and 3 in the root elongation zone, indicating potential biomarkers. Functional analysis linked 4 genes to catabolic processes and 3 to protein kinase activity. These results suggest that NaB-mediated HDAC inhibition may influence the early development of corn seedlings, particularly under DS conditions. The differences between the DS and NDS conditions suggest that microorganisms associated with the seeds maize influence the observed responses and should be investigated in future studies.

GMV 25

VARIABILIDAD FENOTÍPICA EN CARACTERES DE CRECIMIENTO Y CALIDAD DE MADERA EN POBLACIÓN HÍBRIDA DE *EUCALYPTUS GRANDIS* Y *EUCALYPTUS DUNNII*

Lavallén D.¹, Quezada M.¹, Ferraz N.¹, Coelho A.P.¹, Duarte D.² ¹Facultad de Agronomía, Udelar, Uruguay, ² Forestal Oriental UPM, Uruguay. dorienlavallen1@gmail.com

La mejora genética de *Eucalyptus* para pulpa requiere integrar productividad y calidad de madera en materiales adaptados a las condiciones locales. En Uruguay destacan las especies *E. grandis*, por su rápido crecimiento y *E. dunnii*, por su calidad de madera. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la variabilidad fenotípica en variables de crecimiento y calidad de madera de una población de mejoramiento integrada por individuos de *E. grandis*, *E. dunnii* y sus híbridos interespecíficos. Se evaluaron 955 individuos de 3 años distribuidos en cinco ensayos establecidos en Paysandú, Río Negro y Durazno (Uruguay), analizando variables de crecimiento, calidad de madera, anatomía de la fibra y composición química. Se aplicaron análisis descriptivos, análisis de correlación y modelos lineales mixtos para evaluar la contribución del grupo genético, la estructura familiar y el ensayo a la variación observada en las variables evaluadas. Los resultados preliminares evidenciaron amplia variabilidad fenotípica entre materiales. Las medias variaron entre 9,87–11,02 cm para diámetro a la altura del pecho, 9,38–10,0 m para altura y 0,029–0,036 m³ para volumen. Se observó una alta correlación entre diámetro y volumen, y una correlación positiva entre densidad básica y variables anatómicas de la fibra ($r \approx 0,43$), sugiriendo una asociación con atributos de calidad de la madera. Los modelos evidenciaron diferencias significativas asociadas al grupo genético y la estructura familiar, indicando variación aprovechable para la selección de materiales híbridos superiores.

GMV 26

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y FENOTÍPICA DE LA POBLACIÓN DE *PSEUDOMONAS SYRINGAE* QUE AFECTA EL CEREZO EN CHILE

Sagredo B.¹, Correa F.¹, Otarola J.¹, Millas P.², Martínez J.P.¹, Donoso J.M.¹, Cortes A.¹, Figueroa-Grenett F.¹. ¹ Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA-Rayentué, Chile, ² Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA-Quilamapu, Chile. bsagredo@inia.cl

El cáncer bacterial del cerezo (*Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, Pss) causa pérdidas del 10–30% en Chile; el uso intensivo de cobre genera fitotoxicidad y resistencia. Se caracterizó la diversidad y estructura poblacional de Pss en Chile mediante análisis comparativo de genomas y se estableció un ensayo de disco foliar in vitro con alta correlación con la severidad observada en campo ($r = 0,79 - 0,81$; $p < 0,01$). La resistencia observada en el cultivar resistente se asocia a una carga bacteriana cinco veces menor (qPCR) que la variedad más susceptible. Mediante este ensayo se identificaron cuatro grupos de virulencia, incluyendo una cepa hipervirulenta. Basado en la información genómica se desarrolló una sonda qPCR específica para Pss, permitiendo monitorear la dinámica de poblaciones epífitas en 4 huertos (3 comerciales, 1 experimental) durante dos temporadas. El análisis de retraso temporal (1–56 días) mostró que el cobre amplifica la correlación clima-Pss ($r = -0,604$ a $-0,806$) y acorta la ventana de predicción de 8 a 1–5 semanas, sugiriendo que el cobre elimina el control biológico natural de la comunidad epífita. Finalmente, se construyó una colección núcleo de 11 cepas representativas de la diversidad genómica chilena. Las concentraciones letales mínimas para cobre variaron >10 veces entre cepas (300 a >3000 ppm), y la eficacia de bioproductos fue altamente cepa-dependiente. Concluimos que el ensayo de disco foliar validado y la colección núcleo permiten acelerar el mejoramiento genético de cerezos resistentes y ajustar estrategias de control sostenible. Financiamiento: Fondecyt Regular 1231208.

GMV 27

CARACTERIZACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE EN LA BASE HISTÓRICA DEL PROGRAMA NACIONAL DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBADA (*HORDEUM VULGARE* L.) DE URUGUAY

González Barrios P.¹, Kavanova M.², Silva P.², Castro A.¹, Verocai M.¹, Lado B.¹ ¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay, ² INIA La Estanzuela, Uruguay. pablog@fagro.edu.uy

La cebada (*Hordeum vulgare* L.) es un cultivo estratégico para Uruguay, con importante demanda nacional e internacional. Entender cómo se estructura la interacción genotipo×ambiente (IGA) es fundamental para mejorar la eficiencia de la selección y optimizar la asignación de recursos experimentales en los programas de mejoramiento. Se caracterizó la base histórica del Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Cebada de INIA La Estanzuela (2015–2023): 138 ensayos, cuatro localidades y 3.094 líneas. La variabilidad fenotípica del rendimiento estuvo dominada por factores ambientales anuales e inter-sitio, que en conjunto explicaron dos tercios de la varianza total, mientras que la señal genética directa representó apenas 3%. La heredabilidad fue razonablemente alta (medianas 0,50– 0,75), aunque variable entre sitios. La IGA presentó una componente espacial repetible entre años: mediante correlaciones genéticas entre localidades y agrupamiento jerárquico se identificaron dos mega-ambientes estables, uno litoral sur (La Estanzuela y Dolores) y otro litoral norte (Young y Mercedes), diferenciados por el gradiente latitudinal del litoral (34°21'S a 32°41'S) y por su nivel productivo (6.301 frente a 5.230 kg ha⁻¹). La correlación genética media fue 0,65 dentro de los mega-ambientes y 0,46 entre ellos, y el agrupamiento se repitió en la mayoría de los años. Dentro de cada mega-ambiente las localidades resultaron redundantes, incluso más que las fechas de siembra dentro de una misma localidad. Esta estructura diferencial tiene implicancias directas para optimizar el diseño de la red de evaluación y mejorar la eficiencia del programa.