

Cambios en la estructura de correlaciones en una población de clones bananos por efecto de la selección para la conformación de una variedad y de un banco de germoplasma

Tenaglia Gerardo¹, Beltrán Celina², Pratta Guillermo Raúl^{3*}

¹INTA Área IPAF NEA ²Cátedra de Estadística, Facultad de Ciencias Agrarias UNR.

³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (CONICET).

Parque Experimental Villarino, S2125ZAA Zavalla, Santa Fe, Argentina.

gpratta@unr.edu.ar

La banana tipo Cavendish (*Musa acuminata*) es un cultivo tropical que puede producirse en zonas subtropicales, ajustando el manejo agronómico de cultivares adaptados a estos climas más rigurosos para el cultivo. En Argentina, la provincia de Formosa se ha convertido en un importante productor de bananos. En estas condiciones, se obtiene una cosecha anual, a diferencia de las tres cada dos años en promedio que se logran en las áreas de cultivo tradicional. La adaptación al clima subtropical y el manejo del agroecosistema ha generado una variabilidad única en el país. (Del Médico *et al.*, 2021), que ha permitido seleccionar tanto clones de alto rendimiento y estabilidad para conformar la primera variedad nacional (PVN) como muestras representativas para establecer un banco de germoplasma (BG) de banana. Estos materiales genéticos (población recolectada en campos de productores formoseños –PRCP- y subpoblaciones PVN y BG) han sido previamente caracterizados por sus valores medios y variancias para caracteres cuantitativos de interés agronómico (Tenaglia y Pratta, 2023a y b). A fin de obtener el máximo provecho de la biodiversidad seleccionada en uno y otro caso, es necesario conocer también la estructura de covariancias pues las asociaciones entre caracteres pueden determinar diferentes formas de gestionar cada conjunto de materiales.

El objetivo de este trabajo fue determinar la estructura de covariancias en estos tres conjuntos de clones de banana. Para ello, con los valores reportados previamente (Tenaglia y Pratta, 2023 a y b) se calcularon los coeficientes de correlación de Pearson (r) entre todos los pares de caracteres cuantitativos analizados, a partir de los valores medios de cada individuo en cuatro campañas de evaluación. Dada esta evaluación individual, tales valores medios representan el valor genotípico de cada clon, para cada variable, por lo que los coeficientes pueden considerarse una estimación de la correlación genética. Luego se destacaron las correlaciones estadísticamente significativas y de mayor valor absoluto (se tomó un valor mínimo de 0,40 en forma absoluta) en cada población y se verificó por observación directa el grado de concordancia entre ellas.

Una alta concordancia es indicador de una estructura de covariancia similar, en tanto que, concordancias bajas indican discrepancias en la estructura genética de las poblaciones que se están comparando.

La PRCP estuvo compuesta por 154 clones, de los cuáles se seleccionaron 30 por su mejor comportamiento agronómico para conformar la PVN y 40 por ser representativos de la variabilidad original para establecer el BG. Las campañas evaluadas fueron 2016/17, 2017/18, 2018/19 y 2019/20, en las que se midieron 16 caracteres, 7 vegetativos y 9 reproductivos. Entre los primeros, se encuentran por ejemplo altura de planta (AP), circunferencia del pseudotallo (CP), número de manos a floración (NMF) y número de hojas a cosecha (HC). Entre los caracteres productivos, se evaluaron peso total de fruta por racimo (PT), peso del raquis (PR), diámetro del dedo de la segunda mano (DDSM), longitud del dedo de la segunda mano (LDSM), diámetro del dedo de la última mano (DDUM) y grosor de cáscara (GC). Cabe aclarar que en la producción de banana, se llama mano a cada nudo floral del racimo y dedo, a cada fruta individual.

En líneas generales, en la PRCP se encontraron correlaciones significativas ($p < 0,01$) dentro del grupo de variables vegetativas, como entre los pares AP-CP ($r = 0,57$) AP-NMF ($r = 0,45$) y CP-NMF ($r = 0,53$), y dentro de variables reproductivas, como entre los pares PT-PR ($r = 0,71$), PT-LDSM ($r = 0,57$), y DDSM-DDUM ($r = 0,49$), siendo escasas las correlaciones entre ambas clases de variables (NMF-PT, $r = 0,43$). En el grupo seleccionado para conformar la PVN, solo se encontraron correlaciones significativas dentro caracteres productivos, en tanto que el conjunto de 40 clones que conforman el BG mostró una estructura de correlaciones más similar a la población original, salvo que presentó un mayor número de correlaciones significativas entre variables vegetativas y productivas. Este hecho puede ser debida a que para ser considerado como cultivar, una población debe ser uniforme para atributos fenotípicos que determinan el manejo del cultivo, por lo tanto la variancia para AP, PP, NNF y NHC fue menor que en PRCP y en BG (Tenaglia y Pratta, 2023 a y b) y por lo tanto, las covariancias entre ellos resultaron no significativas. Por el contrario, un BG debe representar la variabilidad original disponible y en consecuencia, tanto los valores medios como variancias fueron similares en informes previos entre PRCP y BG, acordando con el parecido en estructura de correlaciones identificado en este trabajo. Cabe comentar que respecto a medias, los valores promedios, máximos y mínimos tendieron a estar corridos hacia los objetivos de la selección para cada carácter en PVN respecto a PRCP mientras que se conservaron en BG. En relación a variancias, las repetibilidades tendieron a ser menores en PVN, en tanto que fueron mayores a PVN y similares entre sí para BG y PRCP para todos los caracteres.

A modo de ejemplo de implicancia agronómica, una mayor CP determina un mayor vigor y por lo tanto a un mayor rendimiento (Galán Sáuco y Robinson, 2013). En consecuencia, para conforma una variedad de alta productividad, solo se seleccionaron individuos de elevadas CP, disminuyendo así su variación y su covariación con otros caracteres. Este carácter, en cambio, mostró correlaciones significativas en los otros dos grupos de clones, ya que por un lado se observó biodiversidad para CP en PRCP, debido posiblemente a diferentes manejos agronómicos en cada campo, o bien a adaptaciones al ambiente riguroso para este cultivo de Formosa. En esta zona, se producen heladas que matan toda el área foliar, por lo tanto el rebrote para la próxima campaña lo realiza un cormo nuevo (hijo) producido asexualmente. De esta manera, el aumento en CP producido por una acumulación de reservas continua durante un ciclo, como ocurre en regiones libres de heladas, se ve limitado en Argentina, estableciendo covariaciones diferenciales con determinados caracteres. Para establecer el BG, se propendió a conservar en forma representativa esta variabilidad, resultando en correlaciones similares a las detectadas en PRCP.

Como conclusión, la evaluación de la estructura de correlaciones en los tres grupos de clones evaluados fue congruente con el logro de los objetivos planteados para los dos procesos de selección realizados, uno tendiente a obtener variedades adaptadas a las condiciones locales y el otro tendiente a conservar la variabilidad.

Bibliografía

DEL MEDICO, A.P., KEIM, C., ROMERO, H., PRATTA, G.R., TENAGLIA, G.C. (2021) Mejoramiento genético de banana en Argentina. Agromensajes, 60:14-20.

GALÁN SAÚCO, V., ROBINSON J.C. (2013). "Fisiología, clima y producción de banano". XX Reunião Internacional da Associação para a Cooperação em Pesquisa e Desenvolvimento Integral das Musáceas (Bananas e Plátanos). Acorbat 2013 Fortaleza, CE. Brasil.

TENAGLIA, G.C., PRATTA, G.R. (2023 a) "Selección por índice multivariado para caracteres de interés productivo en banana". VIII Jornadas de Ciencia y Tecnología de la Facultad de Ciencias Agrarias UNR - II Reunión Argentina-Chile (Facultad de Agronomía de la Universidad de Concepción). Encuentro virtual.

TENAGLIA, G., PRATTA, G.R. (2023 b) "Caracterización fenotípica de un banco de germoplasma argentino de banana seleccionado por índice multivariado". XXV Congreso y la XLIII Reunión Anual de la SBR. Rosario, Santa Fe.