

**PP 75 Interacción genotipo x ambiente en familias de medios hermanos de *Melilotus albus*.**

Ré, A.<sup>1\*</sup>, Arolofo, V.<sup>2</sup>, Tomás, A.<sup>3</sup>, Lavandera, J.<sup>4</sup>, Odorizzi, A.<sup>2</sup>, Acuña, M.<sup>4</sup> y Lifschitz, M.<sup>5</sup>  
 INTA EEAs <sup>1</sup>C.del Uruguay, Manfredi<sup>2</sup>, Rafaela<sup>3</sup>, Pergamino; <sup>5</sup>Pasante Fac. Cs Agr. UCU  
 \*E-mail: re.alejo@inta.gob.ar

*Genotype-environment interaction in half-sib families of melilotus albus.*

**Introducción**

El objetivo fue evaluar la interacción genotipo x ambiente (GxE) en familias de medios hermanos de una población de *Melilotus albus* y determinar la mejor estrategia de selección para la mejora genética de la población.

**Materiales y Métodos**

El trabajo se llevó en 4 EEAs del INTA (LOC): C. del Uruguay (CDU), Manfredi (MAN), Rafaela (RAF) y Pergamino (PER); utilizándose en cada LOC 30 familias de medios hermanos (HS) de una población de *Melilotus albus*. En cada localidad se utilizó un DBCA (r=2) donde cada HS estuvo representada por 6 genotipos por repetición. Las variables medidas fueron altura de planta a los 45 días y 90 días, medida desde la base de la planta hasta la última lámina extendida (ALT1 y ALT2), porte según escala visual (PORTE), y peso seco de planta (PESO) en CDU, MAN y PER y solo ALT2 y PESO en RAF. Para el estudio de la interacción GxE se realizó un ANOVA de efectos aleatorios, estimándose los distintos componentes de varianza a través de la esperanza de los cuadrados medios del modelo y los parámetros genéticos en base a las medias familiares (Nguyen y Slepér, 1983). También se realizó un análisis de componentes principales (ACP) utilizándose los valores medios de las HSxLOC los cuales fueron volcados en un biplot (CP1 y CP2).

**Resultados y Discusión**

El ANOVA mostró efecto significativo (p<0,01) de la interacción LOCxHS para todos los caracteres (Cuadro 1) lo que muestra un comportamiento diferencial de las HS en las distintas LOC para todos los caracteres.

Cuando se estimaron los componentes de varianza, el peso de la varianza de la interacción (V<sub>LOCxHS</sub>) hizo que la varianza entre las HS (V<sub>HS</sub>) fuese cercana a cero en ALT1 y PORTE, lo que se tradujo heredabilidades nulas para estos caracteres si uno quisiera seleccionar familias independientemente del ambiente. Si bien en ALT2 y PESO la V<sub>HS</sub> fue superior a cero, la proporción de la misma en relación a la varianza media fenotípica de familias (V<sub>FMF</sub>) fue menor al 21%, estimándose heredabilidades menores a 0,21.

El ACP mostró una clara diferenciación de las LOC (Figura 1), donde las HS mostraron un comportamiento diferencial en cada ambiente particular. Este comportamiento era esperable en función de la interacción detectada en el ANOVA. Se observó una correlación positiva entre ambas mediciones de ALT, entre PORTE y PESO y entre PESO y ALT2; mientras que la correlación fue negativa entre PORTE y ALT2.

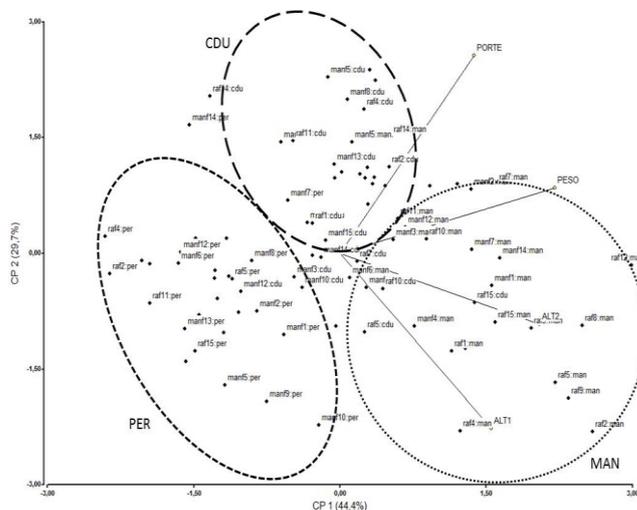
**Conclusiones**

Los resultados obtenidos muestran que para la mejora de estos caracteres debería considerarse la selección de familias en cada ambiente en particular, previo análisis de la variabilidad genética entre familias dentro de los mismos.

**Cuadro 1.** Significancias del ANOVA, Componentes de varianza y Heredabilidad en familias de *Melilotus* evaluadas en 4 localidades.

	ALT1	PORTE	ALT2	PESO
<b>Valor de P</b>				
LOC	0,04	<0,0001	0,012	0,0006
HS	0,7005	0,93	0,11	0,6328
LOCxHS	<0,0001	<0,0001	0,007	0,0003
<b>Varianzas</b>				
V <sub>HS</sub>	0,00	0,00	6,41	7,70
V <sub>LOCxHS</sub>	7,04	0,13	29,10	232,00
V <sub>E</sub>	8,37	0,10	65,50	470,90
V <sub>LOC</sub>	5,56	0,12	35,24	729,22
V <sub>REP(LOC)</sub>	1,28	0,00	5,08	32,60
V <sub>FMF</sub>	5,18	0,08	31,32	310,94
H <sub>MF</sub>	<b>0,000</b>	<b>0,000</b>	<b>0,205</b>	<b>0,025</b>

V<sub>HS</sub>: Varianza genética entre familias; V<sub>LOCxHS</sub>:Varianza de la interacción; V<sub>E</sub>:Varianza ambiental; V<sub>LOC</sub>:Varianza de localidad; V<sub>FMF</sub>:Varianza media fenotípica; H<sub>MF</sub>: Heredabilidad en base a medias familiares.



**Figura 1.** Análisis de componentes principales para 30 HS evaluadas en 3 ambientes.

**Bibliografía**

NGUYEN, H.T. y SLEPER D.A. 1983. Theor. Appl. Genet. 64:187-196.