

**Series:**  
**Comunicaciones Técnicas**  
**ISSN 1667-4014**

**COMUNICACION TECNICA Nº 138**  
**ÁREA RECURSOS NATURALES**  
**Relevamiento Integrado**

**I Simposio de Ciencias Agrarias de INTA.**  
Libro de resúmenes.  
3 y 4 de Noviembre de 2022 (modalidad virtual)

**ANGELI, Juan Pablo; FURCI SOULIER, Marina;**  
**GUIDALEVICH, Verónica; MARTIN ALBARRACIN,**  
**Valeria; PALOMEQUE, Laura Cynthia, ZABALETA,**  
**Gabriela.**

**2022**

■ **Ediciones**

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria  
Centro Regional Patagonia Norte  
Estación Experimental Agropecuaria Bariloche. "Dr. Grenville Morris"  
eeabariloche.cd@inta.gob.ar



# I Simposio de Ciencias Agrarias de INTA



**LIBRO DE RESÚMENES**

3 y 4 de noviembre de 2022

(modalidad virtual)

San Carlos de Bariloche, Argentina

# I Simposio de Ciencias Agrarias de INTA



## LIBRO DE RESÚMENES

3 y 4 de noviembre de 2022

(modalidad virtual)

**Compilación y edición:**

Angeli, Juan Pablo

Furci Soulier, Marina

Guidalevich, Verónica

Martin-Albarracin, Valeria

Palomeque, Laura Cynthia

Zabaleta, Gabriela

<https://simposiomejoramien.wixsite.com/my-site-2>

San Carlos de Bariloche, Argentina

# PRÓLOGO

Como estudiantes de posgrado, especializados en distintas áreas de mejoramiento genético, nos vimos motivados a crear este espacio para intercambiar experiencias acerca de las nuevas tecnologías enfocadas a mejorar la productividad de los sistemas agropecuarios. Nos encontramos en un contexto ambiental y socialmente dinámico, en el cual incrementar la ganancia genética en las especies de interés agronómico es un requisito elemental para satisfacer las demandas futuras de la sociedad. Ante este desafío, las nuevas tecnologías en diferentes escalas de estudio emergen como herramientas clave a la hora de mantener el progreso genético en dichas especies. Mayor escala de evaluación, técnicas moleculares de alta precisión y métodos estadísticos novedosos, son algunas de esas herramientas que nos van a ayudar a lograr dichos objetivos. Por todo esto pusimos en marcha el I Simposio de Ciencias Agrarias del INTA, un espacio ideado para promover la discusión de ideas y enriquecer la interacción científica en pos de mejorar nuestros sistemas productivos.

El I Simposio de Ciencias Agrarias del INTA se realizó el 3 y 4 de noviembre del 2022 y contó con la participación de 340 inscriptos. Se llevó a cabo en modalidad virtual con sede para su transmisión en el INTA Estación Experimental Agropecuaria Bariloche y con participación dentro del comité organizador de integrantes de distintas EEAs a lo largo del país. Durante el evento, se llevaron a cabo 2 workshops a cargo de profesionales distinguidos, y se contó con la participación de 6 disertantes destacados nacional e internacionalmente, pertenecientes a distintas áreas de aporte al desarrollo de conocimiento en ciencias agrarias. El presente libro contiene 57 resúmenes presentados al Simposio, los cuales fueron agrupados en cuatro grandes áreas temáticas: Ciencias agrarias (general), Genética cuantitativa y biometría aplicada al mejoramiento, Biología molecular y herramientas genómicas aplicadas al mejoramiento y Herramientas de fenotipado de alto caudal aplicadas al mejoramiento genético. Dichos resúmenes fueron evaluados por pares revisores pertenecientes a la propia organización del Simposio.

Deseamos agradecer el apoyo del equipo de gestión del INTA EEA Bariloche y destacar la gran ayuda que recibimos por parte de Teresita C. Perez y Juan P. Duprez en la organización del evento. Además, queremos recalcar especialmente la asistencia de los miembros del comité de asesoría, el Dr. Diego Ortiz y la Dra. Laura Palomeque, pertenecientes a la Red de Mejoramiento Vegetal y Animal del INTA; y al M. Sc. Juan Pabelo de la Universidad Estatal de Iowa. Finalmente, también agradecemos a las diferentes instituciones que permitieron la organización de este evento a través de financiamiento y gestiones administrativas, destacando principalmente a la empresa Corteva Agriscience, a la EEA Manfredi, al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y a la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica

**SYMPOSIA  
SERIES**

REACHING THE NEXT GENERATION  
OF SCIENTISTS SINCE 2008.

 **CORTEVA**  
agriscience



**Instituto Nacional de  
Tecnología Agropecuaria**

**CONICET**



**AGENCIA**  
NACIONAL DE PROMOCIÓN  
CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA



# COMITÉ ORGANIZADOR

## **Presidencia**

Ing. Agr. Matías Domínguez  
INTA EEA Pergamino - CONICET

## **Coordinación: sede del comité organizador**

Dra. Valeria Martín  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

## **Comité de oradores**

Lic. Catalina Molina  
INTA - CNIA CONICET

Lic. Melanie Anahí Corzo  
INTA - CNIA CONICET

## **Comité de posters**

Dra. Alejandra Abdala  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

Ing. Agr. Jorge Paz  
INTA EEA Sáenz Peña

Lic. Juan Pablo Angeli  
INTA EEAF Esquel - CONICET

Lic. Marina Furci Soulier  
INTA Bariloche - CONICET

Ing. Agr. Verónica Guidalevich  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

## **Comité de Workshop**

Ing. Agr. Evangelina Nuñez Bordoy  
FCA - UNMDP

Ing. Agr. Luis Aubone  
Unidad integrada Balcarce - FCA UNMDP

Dra. María Fiorella Franco  
INTA EEA Balcarce - CONICET

## **Vicepresidencia**

Ing. Agr. Facundo Curin  
INTA EEA Pergamino - CONICET

## **Coordinación: IT**

Lic. Gabriela Zabaleta  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

## **Comité de medios y difusión**

Ing. Agr. José María García  
INTA EEA Famaillá

Dra. Nicole Pretini  
INTA EEA Pergamino - CONICET

## **Comité de Asesoría académica**

Dr. Diego Ortiz  
INTA EEA Manfredi

Ing. Agr. (Msc.) Juan Panelo  
Iowa State University

Dr. Laura Palomeque  
INTA EEA Chubut

## **Administrador de Red y TI INTA**

Analista de Sistemas de Computación:  
Juan Pablo Duprez  
INTA EEA Bariloche

## **Contacto Corteva Agriscience**

Dr. Jason Rauscher

## **Evaluadores**

Dra. Alejandra Abdala  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

Lic. Gabriela Zabaleta  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

Ing. Agr. Jorge Paz  
INTA EEA Sáenz Peña

Lic. Juan Pablo Angeli  
INTA EEAf Esquel - CONICET

Lic. Marina Furci Soulier  
INTA Bariloche - CONICET

Dra. Valeria Martín  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

Ing. Agr. Verónica Guidalevich  
EEA Bariloche IFAB (INTA-CONICET)

# ÍNDICE

PRÓLOGO	2
COMITÉ ORGANIZADOR	3
EVALUADORES	4
ÍNDICE	4
DISERTANTES	7
DISERTANTES DE TRABAJOS SELECCIONADOS	7
WORKSHOPS	8
RESÚMENES	9
<b>Ciencias Agrarias (General)</b>	9
Diversidad estructural y funcional de las comunidades microbianas rizosféricas asociadas con cuatro genotipos de maíz coinoculadas con <i>Azospirillum argentinense</i> y <i>Pseudomonas fluorescens</i> .	9
Requerimientos térmicos de dos cultivares de nogal europeo ( <i>Juglans regia</i> L.): 'Chandler' y 'Trompito INTA'.	9
Criterios de selección fenotípica en el mejoramiento vegetal: mirando debajo de la alfombra.	10
Desarrollo de nuevas estrategias de riego deficitario en sistemas de cultivos superintensivos de olivo ( <i>Olea europaea</i> L.).	11
Avances en la caracterización del algodón transgénico portador de secuencias que interfieren con la síntesis de alfa amilasa específica de <i>Anthonomus grandis</i> Boheman.	12
Efecto de tres sistemas de aplicación de hormonas en la retención de embriones haploides de trigo.	12
Respuesta de ápices meristemáticos del algodón ( <i>Gossypium hirsutum</i> L.) a la regeneración in vitro de genotipos novedosos.	13
Detección de dos nuevos begomovirus en el cultivo de chía ( <i>Salvia hispánica</i> L.).	14
Herramientas para la domesticación participativa de tres especies de frutas nativas en la selva paranaense ( <i>Plinia cauliflora</i> , <i>Eugenia involucrata</i> y <i>Eugenia uniflora</i> ).	14
Interacción genotipo x ambiente de cinco líneas de quínoa ( <i>Chenopodium Quinoa</i> Willd) en la zona centro – sur de Chile.	15
Línea mutante putativa de trigo pan de buen comportamiento a campo en las condiciones de sequía de Chaco.	16
Actividad medicinal de plantas nativas argentinas y caracterización de principios activos como herramienta para el mejoramiento genético.	16
Evaluación del rendimiento en el cultivo de papa mediante la aplicación de biofertilizante.	17
Mapeo por asociación para capacidad fotosintética y crecimiento en sorgo.	18
Rescate de la especie <i>Gossypium barbadense</i> L. en las provincias algodoneras.	18
<b>Genética cuantitativa y biometría aplicada al mejoramiento</b>	20
Estimación de los parámetros del modelo de regresión ancestral en datos reales.	20
La selección individual es más efectiva que la familiar en el mejoramiento genético de una gramínea forrajera perenne alógama.	20
Efecto de la fertilización nitrogenada sobre caracteres reproductivos en plantas de dos líneas mejoradas de <i>Pappophorum vaginatum</i> .	21
Caracterización fenotípica de híbridos de maíz para el rendimiento de etanol de primera y segunda generación mediante el análisis factorial en grupo, AFG.	22

Tolerancia al déficit hídrico en girasol cultivado ( <i>Helianthus annuus</i> ): fenotipado a campo de la Población de Mapeo por Asociación del INTA.	22
Germinación y peso de semillas de poblaciones espontáneas de <i>Sporobolus indicus</i> de estepas de halófitas de la Pampa Deprimida (Buenos Aires).	23
Acciones génicas y heredabilidad del scuffing en genotipos de girasol tipo confitero.	24
Heterosis y heredabilidad para tamaño de grano (largo y ancho de pericarpo) en híbridos de girasol ( <i>Helianthus annuus</i> L.) tipo confitero.	24
Variabilidad en el crecimiento inicial y supervivencia en plantas de dos poblaciones espontáneas de <i>Stapfochloa berroi</i> .	25
Variabilidad en la emergencia de plántulas en poblaciones espontáneas de <i>Stapfochloa berroi</i> .	26
Variabilidad en la germinación e incidencia de micopatógenos en semillas de poblaciones espontáneas de <i>Stapfochloa berroi</i> .	26
Determinación del tamaño de parcela óptimo por el método de la máxima curvatura para la evaluación de clones de banana ( <i>Musa x paradisiaca</i> ) en la provincia de Formosa.	27
<b>Biología molecular y herramientas genómicas aplicadas al mejoramiento</b>	29
Marcadores moleculares para la selección de genotipos de trigos resistentes a royas y con buen contenido de proteínas.	29
Proteínas cítricas de la familia SNAKIN/GASA como posibles péptidos antimicrobianos contra bacterias fitopatógenas.	29
Mejoramiento genético de Rizobios para una producción sustentable de soja.	30
Desarrollo de portainjertos cítricos transgénicos tolerantes al estrés abiótico.	30
Caracterización de familias de genes desaturasas (OeSAD y OeFAD) en olivo: análisis de expresión en diferentes ambientes de Argentina durante el desarrollo del fruto.	31
Senescencia foliar en girasol: enfoque sistémico para un evento complejo con impacto en el mejoramiento genético.	32
Aplicación de nuevas técnicas de mejoramiento y genómicas para el desarrollo de marcadores moleculares de tolerancia a sequía en soja.	33
Transformación genética y edición genómica: Herramientas de ingeniería genética utilizadas para mitigar el efecto de los estreses bióticos y abióticos en el cultivo de la caña de azúcar.	33
Generación de un panel de amplicones para genotipar genes de interés agronómico en una población de mapeo por asociación de girasol.	34
Ampliación de una colección de mutantes de inserción para la detección de genes que confieran tolerancia diferencial a la salinidad en alfalfa.	35
Regeneración y elongación de tallos <i>in vitro</i> de cinco genotipos de <i>Lotus tenuis</i> .	35
Transformación genética del genotipo recalcitrante <i>C. limon cv. Eureka</i> para incrementar la defensa contra <i>Xanthomonas citri</i> subsp. <i>Citri</i> .	36
Herramientas biotecnológicas aplicadas al programa de mejoramiento genético de cítricos de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán, Argentina.	37
Obtención de bioinoculantes tolerantes a herbicidas para incrementar la productividad y mejorar la inocuidad ambiental de los cultivos de soja.	37
Evaluación de un panel de marcadores moleculares SNPs obtenidos por ddRADseq en cinco accesiones de caña de azúcar.	38
Aislamiento y caracterización del promotor tejido-específico del gen <i>Snakin-3</i> de papa.	39

Herramientas biotecnológicas aplicadas en el mejoramiento genético de la caña de azúcar.	39
Identificación de isoformas génicas en respuesta a condiciones de sequía en <i>Setaria italica</i> y desarrollo de una plataforma de transformación genética para evaluación de estrategias biotecnológicas.	40
Utilización de marcadores moleculares para el desarrollo de nuevos genotipos de soja.	41
Entendiendo la asociación fenotipo-genotipo del uso eficiente de nitrógeno en caña de azúcar.	41
Factores de transcripción asociados al endulzamiento inducido por frío en papas nativas del noroeste argentino.	42
<b>Herramientas de fenotipado de alto caudal aplicadas al mejoramiento genético</b>	<b>44</b>
Metafenómica de la respuesta de los ácidos grasos del aceite a la temperatura.	44
Desarrollo de algoritmos para el cálculo del área foliar e índice de senescencia en plantas de girasol, a partir de imágenes tomadas con celulares en ensayos a campo.	44
Selección de genotipos híbridos de <i>Urochloa</i> interespecífico con el sistema sensorial multi-paramétrico Crop Circle Phenom.	45
Selección de híbridos de <i>Acroceras macrum</i> Stapf.	46
Validación de un método simple y económico para la obtención de índices de vegetación a alto caudal en un cultivo de trigo.	46
Utilización de índices multiespectrales relevados mediante un UAV para la predicción de rendimiento, número y peso de granos en maíz.	47
Predicción de rendimiento, número y peso de granos mediante índices multiespectrales relevados mediante un UAV en ambientes contrastantes de disponibilidad de recursos en Soja.	48
Fenotipado del desarrollo fenológico en soja [ <i>Glycine max</i> (L.) Merrill] a partir de índices de vegetación multiespectral.	48
Estimación de altura de plantas de girasol mediante imágenes obtenidas mediante drones y sensores.	49

## DISERTANTES

### **Dr. Abelardo de la Vega**

*Corteva Agriscience.*

“Entendimiento y utilización de las interacciones genotipo y ambiente en la mejora genética por adaptación”.

### **Dr. Lee Hickey**

*University of Queensland.*

“Breaking the nexus: breeding technologies to improve the sustainability of wheat”.

### **Dra. Margaret Krause**

*Utah State University.*

“Big data for small breeding: leveraging emerging breeding technologies to benefit small-scale breeding programs”.

### **Dra. Paula Marchelli**

*Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (INTA-CONICET).*

“Domesticación y mejoramiento genético de especies nativas Patagónicas: los desafíos de trabajar con especies no modelo”.

### **Dra. Philomin Juliana**

*Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).*

“Application of genomics and quantitative genetics in wheat breeding”.

### **Dr. Juan Debernardi**

*University of California-Davis.*

“Cómo la tecnología GRF-GIF facilita el uso de herramientas de edición genética en el mejoramiento en trigo”.

## DISERTANTES DE TRABAJOS SELECCIONADOS

### **Ciarrocchi, Guido**

*Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP.*

“Efecto de la fertilización nitrogenada sobre caracteres reproductivos en plantas de dos líneas mejoradas de *Pappophorum vaginatum*”.

### **Fernández, Karina**

*Laboratorio de Ingeniería Genética de Leguminosas, Instituto de Genética (IGEAF) gv IABIMO, INTA.*

“Ampliación de una colección de mutantes de inserción para la detección de genes que confieran tolerancia diferencial a la salinidad en alfalfa”.

### **Olgún, Pablo**

*Pontificia Universidad Católica de Chile.*

“Selección genotípica de cinco variedades de quínoa (*Chenopodium quinoa wild*) usando la interacción genotipo-ambiente”.

## WORKSHOPS

### **Dr. Paulino Pérez Rodríguez**

*Colegio de Postgraduados de México.*

“Métodos y modelos para predicción genómica”.

### **Mag. Alejandro Genin**

*KWS Group.*

“Aplicación práctica de selección genómica en un programa de mejoramiento comercial de maíz”.

### **Dra. Laura Mayor**

*Corteva Agriscience.*

“Capacitación sobre simulador de mejoramiento genético XtremeGain”.

# RESÚMENES

## Ciencias Agrarias (General)



### **Diversidad estructural y funcional de las comunidades microbianas rizosféricas asociadas con cuatro genotipos de maíz coinoculadas con *Azospirillum argentinense* y *Pseudomonas fluorescens*.**

Structural and functional diversity of the rhizosphere microbial communities (CMR) associated with four maize genotypes coinoculated with *Azospirillum argentinense* and *Pseudomonas fluorescens*.

Aguilar Vasquez N.N.<sup>1\*</sup>, Escobar Ortega J.S.<sup>1</sup>, Vera Coca J.I.<sup>1</sup>, García de Salamone E.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro Fitotécnico y de Semillas Pairumani, Cochabamba, Bolivia. <sup>2</sup>Cátedra de Microbiología Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

\*n.aguilar@fundacionpatino.org

Las prácticas de manejo agrícola pueden tener grandes impactos en el tamaño, actividad, composición y diversidad de las comunidades microbianas del suelo. Debido a que los microorganismos afectan la mayoría de las transformaciones de nutrientes, la presencia de comunidades microbianas diversas en el suelo es esencial para la sustentabilidad de los agroecosistemas. El maíz es uno de los principales cereales cultivados del mundo. Durante la campaña 2021/2022 es el que tuvo la mayor producción mundial con 1 162 millones de toneladas de cosecha y con un rendimiento promedio de 5,75 t ha<sup>-1</sup>. Por lo tanto, es importante buscar y mejorar las prácticas agronómicas tendientes a aumentar y mantener los altos niveles productivos de manera más sostenible con una mejor comprensión de las interacciones planta-suelo y el manejo de microorganismos benéficos asociados. Se ha establecido que la respuesta agronómica por inoculación de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) como *A. argentinense* y *P. fluorescens* ha mostrado alta variabilidad en condiciones de campo. Esto se debe a interacciones complejas entre el genotipo de la planta, las cepas inoculadas y las condiciones ambientales. Por eso, se realizó un ensayo en un campo experimental ubicado a 17° 36' de Latitud Sur y 66° 33' de Longitud Oeste, en el municipio de Vinto, departamento de Cochabamba, Bolivia, para estudiar el efecto de la coinoculación con las PGPR mencionadas sobre diversidad estructural y funcional de comunidades microbianas rizosféricas (CMR) presentes en muestras de suelo rizosférico de cuatro genotipos bolivianos de maíz con distintas historias de mejoramiento. Se aplicó un diseño en bloques completos al azar en parcelas divididas, con tres repeticiones. Los genotipos se ubicaron en las parcelas principales y fueron: Compuesto 20-liberada en los años 80, Choclero 2-liberado en el año 2000, y Compuesto 22-liberado en el año 2016 y Waltaco que es un germoplasma nativo. En las subparcelas, se aplicó el control y la coinoculación. En estado vegetativo (V4-V5) y en floración se tomaron muestras de suelo rizosférico para extraer ADN y amplificar el gen *nifH* con los primers *polF* y *polR*. Se usó la enzima *HaeIII* para la restricción de los productos de amplificación. También se obtuvieron los perfiles de uso de fuentes carbonadas (CLPP). Los datos de la caracterización de la diversidad funcional y estructural se evaluaron mediante métodos de análisis multivariado y utilizando el índice de diversidad de Shannon (H). El análisis de las comunidades microbianas mostró que la coinoculación con PGPR cambió el perfil estructural de las comunidades microbianas rizosféricas asociadas a las raíces del genotipo Compuesto 20, específicamente presentando una mayor abundancia relativa de T-RF los fragmentos 162-164 y 173-174 en ambos momentos de muestreo. El análisis de los T-RF mostró diferencias significativas entre momentos de muestreo y los CLPP mostraron diferencias significativas entre Waltaco y Compuesto 22 en el primer muestreo. El índice de diversidad H indica que la coinoculación en los diferentes genotipos de maíz, no modificó la diversidad estructural ni funcional de las CMR. Se destaca la importancia del genotipo vegetal sobre la diversidad funcional y estructural en las comunidades microbianas.

---

### **Requerimientos térmicos de dos cultivares de nogal europeo (*Juglans regia* L.): 'Chandler' y 'Trompito INTA'.**

Thermal requirements of two european walnut cultivars: 'Chandler' and 'Trompito INTA'.

Delgado E.A. <sup>1-2\*</sup>, Carabajal D.E.<sup>1</sup>, Flores P.C.<sup>3</sup>, Neus A.<sup>4</sup>, Gariglio N.F.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>INTA, EEA Catamarca; Ruta N° 33, km 4,5, Sumalao, Valle Viejo, Catamarca, Argentina. <sup>2</sup>CITCA, CONICET. Nuñez del Prado 366, San Fernando del Valle de Catamarca, Catamarca, Argentina. <sup>3</sup>Universidad Nacional de Rosario. Campo Experimental J. Villarino C.C.14 (2125) Zavalla, Santa Fe, Argentina. <sup>4</sup>Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (I.R.T.A.). Torre Marimon. 08140 Caldes de Montbui, Barcelona, España. <sup>5</sup>ICiAgro Litoral, UNL, CONICET, FCA. Kreder 2805 (3080) Esperanza, Santa Fe, Argentina.

\*delgado.eber@inta.gob.ar

La provincia de Catamarca aporta el 23% de la producción de nogal a nivel nacional, y el 80% de la producción de esta provincia proviene de la agricultura familiar. En la mayoría de los cultivares no existe un ajuste de los mismos con respecto a las condiciones climáticas en las que se encuentran, principalmente por falta de información climática y de los requerimientos térmicos de los mismos. No obstante, aunque se ha mencionado que muchos cultivares de nueces requieren temperaturas de 400 a 1500 horas por debajo de 7°C para cumplir con los requerimientos de frío, los datos disponibles para los requerimientos de frío y calor de los cultivares de nogal europeo (especialmente para los genotipos INTA) son escasos. "Trompito INTA" es un genotipo obtenido del programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Catamarca. El objetivo fue determinar los requerimientos de frío y calor para obtener una brotación adecuada en dos cultivares de nogal, 'Chandler' de origen norteamericano y 'Trompito INTA' de reciente inscripción en el Instituto Nacional de Semillas (INASE). Se recolectaron de la EEA varetas del año (VDA) en mayo de 2018 y 2019, cuando el 50% de las hojas habían caído. Las VDA fueron de 40 cm de largo y 2-3 cm de diámetro. Por cultivar se recolectaron 220 varetas de seis árboles. Sólo se conservó la yema terminal (YT) y una lateral (YL), eliminándose las otras. Luego se ubicaron en bolsas de plástico y se las expuso a baja temperatura (5°C ± 2°C) para simular diferentes tratamientos (10) de acumulación de frío artificial, desde 0 a 1000 horas de frío (HF) en intervalos de 100 HF. Después del enfriamiento, las VDA se colocaron con la parte basal en agua y fueron forzadas a brotar en un invernadero con condiciones ambientales controladas. Los resultados se expresaron como tiempo medio de brotación (TMB): número de días transcurridos entre la instalación del experimento en cada fecha y la detección de la etapa fenológica Cf. El requerimiento de frío fue satisfecho cuando el TMB no mostró diferencias significativas en respuesta a la acumulación creciente de HF. El TMB de las YT y YL de 'Chandler' no mostró diferencias después de las 800 HF en ambos años. En cuanto a 'Trompito INTA,' para el año 2018 tanto el TMB de las YL como el de las YT no mostraron diferencias después de las 600 HF, mientras que en el 2019 lo hizo a partir de las 500 HF. El requerimiento de calor disminuyó cuando los cultivares fueron sometidos a acumulaciones crecientes de HF. En las VDA de 'Chandler' las YT y YL necesitaron 680 y 720° días de calor (°DC) en 2018, mientras que en el 2019 requirieron 705 y 745°DC, respectivamente, para brotar. "Trompito INTA2" requirió entre 652-675 y 673-712°DC. Con base a los resultados obtenidos se concluye que, 'Trompito INTA' fue la cultivar con menor requerimiento de frío, necesitando 300 HF menos que 'Chandler' para brotar. Las YT y YL tuvieron el mismo requerimiento de frío, pero difirieron en el requerimiento de calor, siendo mayor en las YL que las YT.

---

## **Criterios de selección fenotípica en el mejoramiento vegetal: mirando debajo de la alfombra.**

Phenotypic selection criteria in plant breeding: looking under the rug.

Di Salvo L.P. <sup>1-2\*</sup>, Tranquilli G.E.<sup>3</sup>, García de Salamone I.E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Departamento de Biología Aplicada y Alimentos. Cátedra de Microbiología Agrícola. CABA, Argentina. <sup>2</sup>CONICET. Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Instituto de Recursos Biológicos, Hurlingham, Argentina.

\*disalvol@agro.uba.ar

En un contexto de creciente demanda mundial de alimentos, nadie puede negar que el desafío sea aumentar la productividad de los cultivos con una mayor conciencia ambiental, reduciendo el uso de pesticidas y fertilizantes para favorecer la sustentabilidad agrícola. Esta realidad contrasta con los objetivos de la revolución verde de los años 60 del siglo pasado, la cual procuró aumentar los rendimientos sobre la base del mejoramiento genético vegetal basado en la utilización masiva de agroquímicos. Los principales cereales, base de la alimentación humana, han desacelerado la tasa de incremento de potencial productivo por la vía del mejoramiento. Por este motivo, es necesaria una nueva

revolución verde para lograr mayores cosechas sobre la base de un mejor aprovechamiento de los recursos naturales disponibles y, así poder satisfacer el incremento estimado en la demanda de alimentos. Para ello, resulta de vital importancia profundizar en el conocimiento de las raíces y de la fina capa de suelo que las rodea, que es la rizósfera. Este es uno de los hábitats más dinámicos del planeta y sus propiedades fisicoquímicas y biológicas exhiben gran heterogeneidad espacial y temporal. Allí se define la calidad y cantidad de recursos para el crecimiento vegetal y conviven numerosos microorganismos, muchos de ellos beneficiosos, como las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal. Entre las más estudiadas y ya utilizadas como bioinsumos inoculantes se encuentran *Azospirillum brasilense* y *Pseudomonas fluorescens*, pues son capaces de mejorar el crecimiento y la nutrición de diversos cultivos, como así también su sanidad y estatus hídrico. Estos bioinsumos constituyen una opción económica y ecológica para aumentar la producción de alimentos y una herramienta para la utilización más eficiente de los recursos disponibles. En esta presentación, se muestran los resultados obtenidos mediante el estudio de los perfiles funcionales potenciales de comunidades microbianas rizosféricas y el análisis de ciertas comunidades microbianas claves en el ciclo de los nutrientes, tales como microorganismos celulolíticos, nitrificadores y fijadores microaerofílicos de nitrógeno y de los hongos formadores de micorrizas. En estos trabajos hemos visto que la respuesta a la inoculación depende de complejas interacciones entre los microorganismos nativos del suelo y la cepa bacteriana inoculada, y entre éstos y la genética del cultivo. Por la estrecha relación entre el genotipo vegetal y la comunidad microbiana de su rizósfera, el mejoramiento vegetal de los cultivos debería tener en cuenta las funciones benéficas de los microorganismos rizosféricos. Este abordaje integral es una herramienta que puede ser utilizada para aumentar el nivel de respuesta a la inoculación, su reproducibilidad y su eficiencia. La información disponible, y la que se continúe generando, respecto a los procesos que ocurren en la porción aérea y subterránea del agroecosistema podrían ser utilizados en los programas de mejoramiento genético de cereales y aplicados al principal motor de la economía argentina: la producción agrícola y sus agroindustrias asociadas.

---

## **Desarrollo de nuevas estrategias de riego deficitario en sistemas de cultivos superintensivos de olivo (*Olea europaea* L.).**

Development of new deficit irrigation strategies for super high-density olive orchards (*Olea europaea* L.).

Gentili L.<sup>1\*</sup>, Tivani M.<sup>1</sup>, Mastio V.<sup>1</sup>, Capraro F.<sup>2</sup>, Contreras C.<sup>1</sup>, Torres M.<sup>1</sup>, Maestri D.<sup>3</sup>, Pierantozzi P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria San Juan, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), San Juan, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Automática, Universidad Nacional de San Juan-CONICET, Argentina. <sup>3</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas – Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

\* gentili.luciana@inta.gob.ar

La mayor parte de las investigaciones sobre el efecto del déficit hídrico y otras fuentes de estrés ambiental sobre la productividad del olivo se han realizado en países de la cuenca del mar Mediterráneo. Este es un cultivo adaptado a las condiciones climáticas imperantes en esta región, donde el periodo de lluvias se concentra en los meses de invierno y primavera, coincidiendo con las fases de crecimiento de brotes, diferenciación y desarrollo de yemas, y cuajado de frutos, las cuales se llevan a cabo entonces en ausencia de déficit hídrico. Esta situación contrasta marcadamente con las condiciones predominantes en las principales regiones olivícolas de Argentina, donde existe un marcado déficit hídrico durante dichas fases fenológicas del cultivo. Esto se puede observar en cultivos localizados en la provincia de San Juan donde es posible efectuar un riego en déficit en cualquier época del año. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar los efectos de dos estrategias de riego deficitario (RD controlado y RD sostenido) sobre parámetros vegetativos, fisiológicos, y productivos en olivares bajo condiciones de cultivo súper intensivo. El ensayo se llevó a cabo durante el ciclo de cultivo (2021-2022) en una plantación de olivos ubicada en la Estación Experimental Agropecuaria (EEA-INTA San Juan). El modelo de cultivo fue súper-intensivo (marco de plantación 4m x 1,75m) en el cultivar Arbosana, este es importante en términos de superficie cultivada a nivel provincial, como así también en la adaptación al modelo de plantación mencionado. Los distintos tratamientos de riego a utilizar fueron:

- Tratamiento control T100: sin déficit hídrico, en el que los árboles se regaron todo el año según las completas necesidades teóricas, es decir, se repuso el 100% de la evapotranspiración del cultivo (ETC).

- Tratamiento RDS70: Los árboles se regaron todo el año al 70% de sus necesidades teóricas (70% de la ETC).
- Tratamiento RDC50: En los períodos críticos de pre-floración/floración (PC1), endurecimiento de endocarpo (PC2) y final de la fase de acumulación de aceite (PC3), las plantas se regaron según las completas necesidades teóricas (100% ETC); el resto del año recibieron aportes equivalentes al 50% de la ETC.
- Tratamiento RDC25: En PC1 las plantas se regaron al 100% de la ETC, mientras que en PC2 y PC3 recibieron el 75% de la ETC. El resto del año recibieron el aporte equivalente al 25% de la ETC. Se evaluaron los efectos de los distintos tratamientos de riego deficitario sobre parámetros vegetativos (volumen de copa), fisiológicos (potencial hídrico de tallo xilemático) y productivos (rendimiento kg/planta). Se observó que el déficit hídrico tuvo diferencia significativa sobre la productividad en los tratamientos RDC25, Por otro lado, para el tratamiento RDS70 y RDC50 no se registró una disminución significativa del rendimiento con respecto al control. Nuestros resultados si bien fueron parciales, aportaron información de base sobre los cultivos súper-intensivos, para empezar a desarrollar estrategias de manejo del riego orientadas a un uso más eficiente del recurso hídrico.

### **Avances en la caracterización del algodón transgénico portador de secuencias que interfieren con la síntesis de alfa amilasa específica de *Anthonomus grandis* Boheman.**

Advances in the characterization of transgenic cotton carrier of sequences that interfere with the synthesis of specific alpha amylase of *Anthonomus grandis* Boheman.

Gonzalez A.<sup>1\*</sup>, Tcach M.<sup>1</sup>, Klein L.<sup>1</sup>, Spoljaric M.V.<sup>1</sup>, Turica M.<sup>2</sup>, Maskin L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria, Sáenz Peña, CR Chaco Formosa, INTA, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Genética Ewald A. Favret, CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina.

\*gonzalez.ariela@inta.gob.ar

El picudo del algodón *Anthonomus grandis*, es considerado una “súper plaga”, lo que se debe en parte a su alta capacidad reproductiva y las numerosas generaciones que se producen en un ciclo agrícola. Para abordar su avance se propuso el desarrollo de diversas estrategias de intervención, una de las cuales fue realizar la transformación genética de algodón mediada por *Agrabacterium thumefaciens* sobre genotipos de algodón Coker 312. Se obtuvieron así plantas transgénicas, portadoras de una construcción (dsRNA) que demostró silenciar genes de alfa amilasa expresados en el intestino del insecto (interferencia mediada por ARN) y la muerte de un cierto porcentaje de adultos y larvas (30% y 60% respectivamente), mediante la ingesta de dieta artificial. Luego de confirmar por PCR, la presencia del transgén en la generación T0, la descendencia T1 fue sembrada en invernáculo y el análisis PCR evidenció un 60% de positividad para el inserto, indicando una posible segregación del mismo. Con el objetivo de seleccionar líneas promisorias, se propuso evaluar el comportamiento de la descendencia de algodón transgénico T2 conteniendo la construcción de interferencia de alfa amilasa, en relación a sus características en el ambiente y con la incidencia de la plaga a campo. Luego de obtener los permisos de CONABIA, el material regulado fue sembrado a campo dispuesto en 47 líneas (60 semillas/líneo), descendientes de la generación T1 que dieron positivas por PCR para el transgén en la campaña anterior. Como testigo se sembró Coker 312 (contraparte no transgénica). Los registros y recolección de insectos se realizaron en dos tiempos y, si bien se había solicitado permiso para la liberación de insectos criados en laboratorio, la misma no fue necesaria dada la incidencia natural. Los pimpollos con síntomas de haber sido atacados por la plaga, se llevaron al laboratorio y estuvieron en recipientes cerrados hasta la inspección del crecimiento de las larvas, la variable registrada fue larvas vivas totales por líneo. Se sembró una réplica en invernáculo, sobre la cual se está realizando el análisis de PCR para comprobar su identidad transgénica, encontrando algunos genotipos que no amplificaron por PCR usando primers específicos de alfa amilasa. El análisis de los parámetros determinados de “Porcentaje de desmote”, “Peso de capullo” e “Índice de semilla” evidenció un comportamiento similar a los testigos Coker 312. Pudieron observarse características diferenciales en cuanto a la presencia de larvas (mínimo 0; máximo 46), pimpollos recolectados (mínimo 0; máximo 64) y capullos cosechados (mínimo 8; máximo 72) por líneo. Se pudo observar larvas con menor tamaño y menor desarrollo en algunos genotipos transgénicos en comparación con los testigos. Luego de la campaña, se cosecharon las semillas de la generación T3 de todas las líneas sembradas. Así, se concluye que pudo superarse la barrera de pérdida de fertilidad, observada en plantas transgénicas y se distinguieron líneas promisorias dado que:

- El evento no genera alteraciones en los parámetros agronómicos medidos en comparación a su contraparte no transgénica.
- Algunas líneas transgénicas mostraron larvas con menor tamaño y menor desarrollo que las líneas testigo.

---

## **Efecto de tres sistemas de aplicación de hormonas en la retención de embriones haploides de trigo**

Effect of three hormone delivery systems on wheat haploid embryo retention.

Lassaga S.L.<sup>1-2\*</sup>, Bessone V.<sup>1-2</sup>, Niz M.B.<sup>2</sup>, Dalzotto M.A.L.<sup>2</sup>, Acosta M.X.<sup>2</sup>, Picotti H.D.<sup>2</sup>, Acosta M.G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>INTA EEA Paraná, Ruta 11 km 12,5, Oro Verde, Entre Ríos, Argentina. <sup>2</sup>UNER Facultad de Ciencias Agropecuarias, Ruta 11 km 10,5, Oro Verde, Entre Ríos, Argentina.

\*lassga.sergio@inta.gob.ar

La producción de dobles haploides (DH) mediante hibridación de trigo por maíz, es de gran valor para los programas de mejoramiento genético. Una manera de conseguir plantas haploides que serán luego de la duplicación plantas DH, es a través de cruzamientos amplios de trigo por maíz, usando este último como progenitor masculino. Posteriormente al cruzamiento, los cromosomas de maíz degeneran y el embrión formado posee solo el complemento cromosómico del trigo. La frecuencia de formación de embriones está altamente influenciada por la aplicación externa de reguladores de crecimiento como el ácido 2,4-diclorofenoacético (2,4 D) cuando se aplica post-fecundación, y permite la sobrevivencia de los embriones hasta el momento de ser rescatados in vitro. Se probaron tres sistemas de aplicación de 2,4 D con el objetivo de determinar cuál de ellos es el más eficiente en la formación y retención de los embriones. Para ello, se realizaron cruzamientos de trigo por maíz, a los cuales se agregó una solución de 2,4 D y dimetilsulfóxido (DMSO) en una concentración de 200 ppm. Los tres sistemas de aplicación que se usaron fueron (1) en forma de inyección en el último entrenudo; (2) de triple spray en las espigas; y (3) en forma de gota en las espiguillas. Las aplicaciones se realizaron a las 24 y 48 horas de la polinización. Los embriones fueron rescatados entre los 16-20 días posteriores a la polinización, en ½ de MS+30 gr de sacarosa por litro. Para el análisis estadístico se utilizó el paquete estadístico InfoStat, se realizó un análisis de variancia y se compararon sus medias. Se castraron manualmente 485 espigas de trigo y se cruzaron con polen fresco de maíz, de las cuales se obtuvieron 6067 cariopses y 141 embriones. Para el sistema de inyección y spray los promedios de embriones obtenidos fueron similares (3,21% y 3,59% respectivamente). El sistema de aplicación por gota, en cambio, produjo menor cantidad de embriones (1,34%). La cantidad de embriones obtenidos a partir de los dos primeros sistemas podría deberse a una mejor dosificación en el tiempo, sin humedecer en exceso las espiguillas, permitiendo una mejor oxigenación de los tejidos y una mayor supervivencia de los embriones.

---

## **Respuesta de ápices meristemáticos del algodón (*Gossypium hirsutum* L.) a la regeneración in vitro de genotipos novedosos.**

Response of meristematic tips of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) to in vitro regeneration of novel genotypes.

Ledesma R.<sup>1</sup>, Tcach M.<sup>1-2</sup>, Guarde F.<sup>2</sup>, Gonzalez A.<sup>1-2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Chaco Austral (UNCAUS). <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).

\*gonzalez.ariela@inta.gob.ar

El algodón (*Gossypium* spp.) juega un rol importante en la economía global y resulta de importancia para la industria textil, agropecuaria, cosmética, alimentaria entre otras. Dada su larga historia de mejoramiento genético, *G. hirsutum* ha experimentado una pérdida significativa de su variabilidad genética, hecho que intenta ser subsanado por métodos de mejoramientos actuales que evitan la dependencia sexual de los cruzamientos y no alteran el fondo genético de los mismos. Pero, para lograr una transformación y/o edición génica de manera exitosa, es imprescindible disponer previamente de un sistema de regeneración que resulte óptimo, lo cual queda restringido a unos pocos genotipos Coker capaces de lograr la regeneración indirecta mediante embriogénesis somática. Por ello el objetivo del presente

trabajo fue evaluar la respuesta in vitro a la regeneración directa, de cuatro genotipos de algodón seleccionados del programa de mejoramiento genético de INTA y de Coker 312, utilizando ápices embrionarios como explantes, bajo las condiciones impuestas por dos protocolos diferentes Hemphill *et al.* (1998) y Morre *et al.* (1998), que proponen, además, la posibilidad de obtención de múltiples brotes. Los genotipos ensayados fueron Guazuncho 4 INTA, Porá 3 INTA y Guaraní INTA (BGRR, variedades recientemente inscriptas); SP1331 (línea avanzada del Programa de Mejoramiento Genético, mutante con resistencia a herbicidas de la familia de Imidazolinonas) y, la variedad testigo Coker 312; genotipo modelo de regeneración en algodón. Los explantes de ápices embrionarios se obtuvieron a partir de semillas, según se indica en protocolo de Pathy & Tuteja (2013). Se colocaron en los respectivos medios de inducción de brote 30 explantes por repetición (10 por placa). Las variables “Porcentaje de explantes con brotes”, “Porcentaje de explantes que enraízan” y “relación Raíz/Brote” fueron registradas y analizadas con un programa estadístico DCA. Para los ensayos se realizó un análisis ANAVA con el programa estadístico INFOSTAT/P (Di Renzo *et al.*, 2014). No se observó la aparición de raíces bajo el protocolo de Morre *et al.* (1998) luego de 45 días del inicio de la experiencia, por lo que sólo pudo compararse la variable inducción de brotes. Bajo las condiciones del protocolo de Hemphill *et al.* (1998) se encontraron diferencias significativas para la variable “Porcentaje de explantes que enraízan”, destacándose la variedad Guaraní INTA con el mayor porcentaje de enraizamiento (60%), siendo los genotipos Porá 3 y SP 1331, las de menor respuesta (17,8% y 14,4% respectivamente). En la comparación de los dos protocolos, no se encontraron diferencias significativas al realizar el análisis de la varianza del “Porcentaje de explantes con brotes” y sólo se observaron múltiples brotes bajo las condiciones del protocolo de Morre *et al.* (1998). Es significativo destacar que la formación de raíces es una de las variables casi tan o más importante que el porcentaje de brotes, ya que define la cantidad de plantas que se obtendrán como descendencia. Se concluye que, durante el tiempo de la experiencia, el genotipo destacado para la regeneración fue Guaraní INTA, bajo las condiciones del protocolo de Hemphill *et al.* (1998), pero sin la formación de múltiples.

---

## **Detección de dos nuevos begomovirus en el cultivo de chía (*Salvia hispánica* L.)**

Detection of two new begomoviruses in chia crops (*Salvia hispánica* L.).

Luciani C.E.<sup>1-2</sup>, Brugo Carivali M.F.<sup>2</sup>, Flores C.R.<sup>3</sup>, Conci V.C.<sup>1-2</sup>, Perotto M.C.<sup>1-2</sup>, Celli M.G.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Inst. de Patología Vegetal (IPAVE-CIAP, INTA). <sup>2</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA, CONICET-INTA). <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria Yuto – INTA.

\*celli.marcos@inta.gob.ar

La producción de chía comenzó su auge a mediados de 2011, cuando expertos en alimentación a nivel mundial destacaron los valores nutricionales de este superalimento. Poco se sabe respecto de las virosis que infectan este cultivo y que pueden provocar pérdida en el rendimiento. En trabajos anteriores se reportó la presencia de 1 carlavirus, Cowpea mild mottle virus, y 4 begomovirus, Tomato yellow spot virus, Sida mosaic Bolivia virus 2, Soybean blistering mosaic virus y el Tomato dwarf leaf virus. En este trabajo se presenta la identificación de dos nuevos virus infectando plantas de chía. Al norte de la provincia de Salta (22°53' S 63°49' W) fueron observadas plantas de chía con deformación de hojas, clorosis y enanismo. Se extrajo el ADN de una de ellas y se secuenció en Illumina HiSeq 1500. Utilizando las herramientas “ORF Finder y BLAST, se identificaron dos contigs de 2649 nucleótidos (nt) y 2596 nt que se correspondieron al ADN-A completo de dos begomovirus, el Euphorbia severe leaf golden mosaic virus (ESLGMV) y el Tomato mottle leaf distortion virus (TMLDV). El ESLGMV mostró 95,81% de identidad de nt con otro aislamiento argentino que infecta la maleza Euphorbia sp. en la provincia de Tucumán (acceso GenBank MZ019476.1) y el TMLDV mostró 89,79% de identidad de nt con otro aislamiento (acceso GenBank MW561191.1), detectado en plantas de tomate (*Solanum lycopersicum*) en la región Centro-Oeste de Brasil. La zona del NOA posee alta población de mosca blanca, vector de los begomovirus, y su proliferación puede haberse favorecido por los factores climáticos de la región, zona cálida y de baja pluviometría. La proximidad del cultivo de chía a malezas y otros cultivos que también son hospedantes de los mismos virus (soja, frijol, maní, tomate, pimiento) son un factor agravante. Este es el primer informe a nivel mundial de estos virus que infectan la chía y es el primer informe del virus de la distorsión de la hoja del tomate en Argentina. Financiamiento: INTA y CONICET.

## **Herramientas para la domesticación participativa de tres especies de frutas nativas a la selva paranaense (*Plinia cauliflora*, *Eugenia involucrata* y *Eugenia uniflora*).**

Tools for participatory domestication of three fruit species native to the Interior Atlantic Forest (selva paranaense) *Plinia cauliflora*, *Eugenia involucrata* and *Eugenia uniflora*).

Niella F.<sup>1\*</sup>, Rocha P.<sup>1</sup>, Parra M.<sup>1</sup>, Suarez G.<sup>1</sup>, Reutemann G.<sup>1</sup>, Gauchat M.E.<sup>1-2</sup>, Barth S. R.<sup>1-2</sup>, Montagnini F.<sup>3</sup>, Bustamante K.M.<sup>1</sup>, Keller K.<sup>1</sup>, Thalmayr P.N.<sup>1</sup>, Maslowski G.A.<sup>1</sup>, Dos Santos M.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Misiones; Facultad de Ciencias Forestales-Eldorado Misiones. <sup>2</sup>INTA; Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo-Misiones. <sup>3</sup>Yale University, School of the Environment, The Forest School, New Haven, CT, USA.

\*fernando.niella@fcb.unam.edu.ar

The present work is a description of the advances in the approach to the participatory domestication of three fruit species of the Myrtaceae family. *Plinia cauliflora* (Jaboticaba), *Eugenia uniflora* (Pitanga) and *Eugenia involucrata* (Cerella), are characterized by their natural distribution in Argentina, Brazil, and Paraguay. Their fruits are edible in fresh form and used in the production of vinegars and liqueurs in cooperatives and producers in the region. They are also a great attraction for pollinators and dispersers (insects and avifauna), thus playing a key role in the conservation and restoration of forests. However, as is the case with most of the native plant resources to the northeast of Argentina, their cultivation is scarce and generally their use is purely extractive from the wild. This, together with the permanent increase of the agricultural and livestock frontier and urbanization, endanger their populations in their natural habitat, which are represented by an ever-decreasing number of individuals. They are thus considered as underutilized genetic resources, lacking a domestication program, limiting the development of varieties and cultivars that allow an efficient use of the resource in a sustained manner. Our studies consist of the integration of the analysis of morphometric and fruit quality characteristics to develop adequate selection criteria that can be implemented by small and medium producers in a participatory domestication scheme. In addition, the development of ex vitro vegetative propagation techniques, as a tool to facilitate the farmers to increase the number of selected germplasms from their natural distribution. To date, the following activities have been developed within the framework of the Project:

- Participative workshops, aimed mainly at small farmers from different parts of the province of Misiones. The agenda of the workshops included the discussion of the implementation of participatory domestication of native fruit trees. The objectives/criteria for selection and the germplasm collection to be included in the program, trial installation methodologies, evaluation and cultivar production potential were discussed and agreed upon. Surveys were conducted to establish an action plan with those farmers interested in initiating a domestication program. The workshops included training on nursery methodologies and production of seedlings in nurseries and production of mini-hedges and mini-cuttings.
- Experimental trials were initiated for the study of factors affecting the management of minicepa and rooting of *P. cauliflora*, *E. uniflora* and *E. involucrata*, which will make it possible to develop an operational methodology that can be transferred to growers and nurserymen.
- Seed sources were identified in different regions of the province, and fruit harvesting and quality and biometry analysis of fruits and seeds were initiated.

In this context, the present project will contribute to the participatory domestication and ex situ conservation of three fruit trees (*P. cauliflora*, *E. uniflora* and *E. involucrata*), of interest to local producers, as well as to generate a database for subsequent genomic studies. Acknowledgements: Proyect PICT-CABBIO 2018-MINCyT; Proyect PNUD N° ARG 15/G53 and Facultad de Ciencias Forestales-UNaM, Misiones, Argentina.

---

## **Interacción genotipo x ambiente de cinco líneas de quínoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) en la zona centro – sur de Chile.**

Genotype by environment interaction of five quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) lines in the central-southern zone of Chile.

Olguín P. y Fuentes F.

Pontificia Universidad Católica de Chile. Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal. Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile. Casilla 306. Código Postal 7.

\*paolguinm@uc.cl

La quínoa es un cultivo altamente nutritivo que está adaptada para prosperar en una amplia gama de ambientes, que puede ayudar a la alimentación de poblaciones vulnerables y dietas especiales tales como vegetarianas, diabetes y celiaquía. Además, diversas evidencias muestran que la quínoa presenta resistencia al estrés hídrico y tolerancia a la salinidad del suelo. Estas características han llamado la atención de investigadores, valorizando la producción de quínoa en los diferentes sistemas agrícolas. Por lo tanto, el método de interacción genotipo x ambiente es importante para evaluar la adaptación, estabilidad y estimar el potencial de genotipos en ambientes de prueba particular, permitiendo garantizar la efectividad de propagar genotipos con alto potencial adaptado a las diferentes condiciones agroclimáticas. El objetivo del presente estudio fue identificar y seleccionar genotipos con mayor potencial adaptativo multiambiente, basado en variables de rendimiento ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), diámetro de grano (mm) y peso de 1000 granos (g), para la zona centro sur de Chile. Se evaluaron cinco genotipos de quínoa en tres ambientes de la zona centro-sur de Chile durante las temporadas 2019/20 y 2020/21, a través de ensayos multiambientes ubicados en las localidades de Pichilemu (región de O'Higgins), Coihueco (región de Ñuble) y Cañete (región del Bio-Bio). Los genotipos evaluados fueron: QLUC-02, QLUC-05, QLUC-RCH y QLUC-NCH, proveniente del programa de mejoramiento genético de la Pontificia Universidad Católica de Chile y la variedad Regalona Baer (Campex Baer Ltda.). Se consideró un diseño de bloques completo al azar con tres repeticiones. La unidad experimental fue de  $9,6 \text{ m}^2$ , con una dosis de siembra de  $10 \text{ Kg ha}^{-1}$  y una profundidad de siembra de 2 cm. Las condiciones ambientales consideraron el registro de; temperaturas ( $^{\circ}\text{C}$ ) máximas, mínimas y medias; precipitación (mm) y humedad relativa (%). Para evaluar los efectos ambientales y la estabilidad de los genotipos se utilizó un modelo de regresión lineal simple. Los genotipos tuvieron una respuesta de rendimiento promedio de  $2823 \text{ kg ha}^{-1}$ , el mayor rendimiento fue obtenido por los genotipos QLUC-05 y QLUC-02 con  $3196 \text{ kg ha}^{-1}$  y  $2974 \text{ kg ha}^{-1}$  respectivamente. En cuanto a los ambientes, Pichilemu obtuvo la respuesta de rendimiento promedio más alto, con  $3112 \text{ kg ha}^{-1}$ , seguidos por el ambiente Cañete con  $2925 \text{ kg ha}^{-1}$  y Coihueco con  $2433 \text{ kg ha}^{-1}$  respectivamente. El diámetro de grano promedio fue de 1,79 mm. El mayor diámetro de grano fue el genotipo QLUC-02 y QLUC-05 con 1,88 mm y 1,86 mm. El peso promedio de 1000 granos fue de 2,77g. Los genotipos que tuvieron una respuesta mayor fueron los genotipos QLUC-02 y QLUC-05, con 3,10 g y 3,05 g. respectivamente. Los resultados obtenidos nos permiten identificar a los genotipos QLUC-05 y QLUC-02 como los que presentan una mayor adaptación a la zona central de Chile. El ambiente de Pichilemu es el que presentó los rendimientos promedios más altos, infiriendo que los genotipos estudiados tienen adaptabilidad a condiciones de temperaturas moderadas y una mayor humedad ambiental.

---

## Línea mutante putativa de trigo pan de buen comportamiento a campo en las condiciones de sequía de Chaco.

Putative mutant line of bread wheat with good field performance under the drought conditions of Chaco.

Paz J.G.<sup>1-4\*</sup>, Weiss A.<sup>2</sup>, Gómez D.E.<sup>4</sup>, Prina A.R.<sup>3</sup>, Landau A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). EEA INTA Sáenz Peña-Chaco. <sup>2</sup>Ex INTA- Brevant.

<sup>3</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA 4 Universidad Nacional del Chaco Austral (UNCAUS).

\*paz.jorge@inta.gob.ar

El Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF) INTA, tiene una larga tradición en el uso de mutaciones inducidas en plantas cultivadas. Buena parte de las investigaciones se han dirigido a estudiar la relación entre los diferentes efectos de los tratamientos mutagénicos en las primeras generaciones y sus implicancias para la selección eficiente de mutantes inducidos. En estos estudios se obtuvieron resultados novedosos sobre los efectos de los principales mutágenos químicos utilizados en mejoramiento y sus interacciones con los rayos X y se han aislado numerosas mutantes originales de cebada y trigo, que han contribuido a interpretar la base genética de caracteres como el control

hormonal del crecimiento, el contenido de proteína del grano y las reacciones a enfermedades. Por otro lado, el IGEAF ha colaborado en la aplicación de técnicas de mutaciones inducidas con numerosos programas de mejoramiento oficiales y privados de muy diversos cultivos. El presente trabajo comenzó en la EEA INTA Sáenz Peña-Chaco, en el año 2016, con la observación a campo de 22 líneas de mutantes putativas de trigo provenientes de tratamientos mutagénicos aplicados sobre semillas de los cv ProINTA Elite y BIOINTA 1005 con azida sódica y/o rayos X. Estas líneas fueron seleccionadas en la segunda generación (M2) por su respuesta diferencial al ser sembradas en soluciones de alta presión osmótica (NaCl o polietilenglicol) o por suspensión del riego en macetas. Durante el 2017 se realizó una siembra estival para aumentar la producción de semillas y acelerar las evaluaciones. Sólo la línea 12 fue seleccionada para continuar con las evaluaciones. Así, se observó que la línea denominada SP12, proveniente del tratamiento con azida sódica y seleccionada por suspensión de riego, manifestó un comportamiento muy superior con respecto a las demás y a los testigos, duplicando la producción presentada por la media grupal. En 2018, 2019 y en 2021 en iguales condiciones de siembra, fue superior en rendimiento (5000, 3542 y 4093 kg. ha<sup>-1</sup>) mientras que la media de la tercera fecha de siembra de la Red de Evaluación de Cultivares de Trigo pan INTA-INASE fue de 4182, 3724 y 3028 kg ha<sup>-1</sup>. Estos resultados fueron coincidentes con las estimaciones de rendimiento realizadas a campo a partir de los componentes de rendimiento. La longitud de la espiga fue de 17 cm (media normal: 13 cm). Además, en SP12 se observó un mayor número de espigas y espiguillas y por ende una mayor potencialidad de producción que se manifestó en un elevado número de granos por unidad de superficie. Por otra parte, las plantas SP12 mostraron una alta capacidad de macollaje y una altura normal (85 cm aprox.). La línea SP12 mostró a lo largo de cuatro años de evaluación un comportamiento destacado en los ensayos comparativos de rendimiento de siembra invernal realizados en la EEA INTA Sáenz Peña, ambiente caracterizado por condiciones de sequía.

---

## Actividad medicinal de plantas nativas argentinas y caracterización de principios activos como herramienta para el mejoramiento genético.

Medicinal activity of Argentine native plants and characterization of active ingredients as a tool for genetic improvement.

Pérez Esquivel P.<sup>1-2\*</sup>, López M.<sup>1-3\*</sup>, Spotorno V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Recursos Biológicos, INTA. <sup>2</sup>Conicet. <sup>3</sup>Universidad del Salvador.

\*perezsequivel.pamela@inta.gob.ar

Especies como cúrcuma y jengibre, pertenecen a la familia Zingiberaceae del orden Zingiberales. Poseen propiedades antioxidantes y neuroprotectoras. Dentro del mismo orden, *Canna* (Achiras) es el único género de la familia Cannaceae, nativa del continente americano y comprende diecinueve especies. Sus rizomas son utilizados como alimento tradicional por su alto contenido de almidones. Además, se ha reportado que las hojas de *Canna* son repelentes contra insectos. En estudios preliminares de este proyecto se encontró que el extracto del rizoma de *Canna coccinea*, confiere protección a células cerebrales en cultivo sometidas a daño oxidativo severo. El objetivo del proyecto es seleccionar plantas nativas promisorias, que permitan el desarrollo de nuevos fármacos o aplicaciones industriales, como herramienta para la domesticación y el mejoramiento genético de especies de interés económico. Esto requiere la identificación de los compuestos con actividad biológica, lo cual abre oportunidades para evaluar el rendimiento del cultivo en función de su concentración y dar valor agregado a la flora nativa, fortaleciendo el desarrollo regional y territorial de la producción agropecuaria y agroindustrial. El estudio completo implica la evaluación de extractos de rizomas y hojas de representantes de especies del género *Canna*. En esta etapa del trabajo, se estudia el perfil fitoquímico de las plantas. Para esto se prepararon extractos a los que se les realizó la cuantificación por HPLC de ácido rosmarínico (AR) y ácido cafeico, compuestos descritos en hojas y rizomas, con actividad antioxidante. Se tomaron muestras de *C. coccinea*, *C. glauca* y *C. indica* provenientes del jardín botánico Arturo Ragonese del IRB-CIRN-INTA. Los resultados mostraron una alta concentración de AR en rizomas, en mayor cantidad en *C. indica* (43 mg/g de materia seca). En hojas, la mayor concentración de este ácido se encontró en *C. coccinea* (0,0125 mg/g de materia seca). También se estimó la capacidad antioxidante in vitro de los extractos, mediante el ensayo de reducción del poder antioxidante férrico (FRAP). El mayor poder antioxidante resultó seis veces superior en rizoma de *C. coccinea* (1,021 meqFe/mg materia seca) que en rizoma de *C. indica* (0,165 meqFe/mg materia seca), mientras que esta actividad fue dos órdenes más baja en todos los extractos de hojas. Contrariamente a lo esperado,

el AR no resulta ser el principal responsable de la actividad antioxidante in vitro. Se requiere un estudio completo que incluya otros compuestos antioxidantes como flavonoides y otros polifenoles. El AR es uno de los principales metabolitos secundarios presente tanto en hojas como en rizoma, y es considerado el principio activo que produce la repelencia de insectos. Sin embargo, no es necesariamente el compuesto responsable de la actividad neuroprotectora. Para la investigación de este efecto protector de los extractos se realizarán ensayos en líneas celulares cerebrales Neuro2A y pruebas en el organismo modelo *Caenorhabditis elegans*. Los estudios fitoquímicos y de actividad biológica, se complementarán con la caracterización mediante marcadores moleculares. Esto permitirá la selección de individuos con las características buscadas, utilizando marcadores genéricos (ISSRs) o diseñando primers para SSRs basadas en genomas disponibles en bases de datos de especies emparentadas como jengibre y cúrcuma.

---

## **Evaluación del rendimiento en el cultivo de papa mediante la aplicación de biofertilizante.**

Yield evaluation in potato crop through the application of biofertilizer.

Quiroga R.J.<sup>1\*</sup>, García J.A.<sup>2</sup>, Sosa H.<sup>2</sup>, Villagra E.L.<sup>3</sup>, Kirschbaum D.S.<sup>1</sup>, Rudelli M.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>EEA Famaillá INTA. Ruta 301 km 32 Famaillá. <sup>2</sup>AER Aguilares INTA. Jose Mármol 836 Aguilares Tucumán. <sup>3</sup>Cátedra Horticultura FAZ-UNT. Av. Kirchner 1900 San Miguel de Tucumán. <sup>4</sup>Campo Demostrativo Encalilla INTA UE y EA Valles Calchaquies.

\*quiroga.rolando@inta.gob.ar

Tucumán cuenta con alrededor de 8600 ha en producción de papa, destinando el mayor porcentaje para consumo en fresco (82%) y el restante a industria (18%). La producción más relevante se concentra en los Departamentos de Río Chico y Chicligasta (mediante el tipo de producción primicia). El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento del cultivo de papa mediante la aplicación de bioinsumos en la localidad de Los Sarmientos. Para ello se realizó un ensayo experimental durante 2 años (2021 y 2022) en donde se compararon dos lotes comerciales de la variedad Spunta. En uno se aplicó un producto comercial a base de bacterias promotoras del crecimiento (*Azospirillum*), más una solución de micronutrientes, y el otro solo agua (testigo). El producto fue aplicado en el momento de la plantación directamente en el surco donde se sembró el tubérculo semilla con la máquina sembradora de papa, y en el lote testigo se replicó agregando solo agua. Los resultados obtenidos no mostraron diferencias estadísticamente significativas entre los tratamientos, pero sí hay una diferencia en Kg/ha a favor del lote tratado con el biofertilizante. En el año 2021 se obtuvieron 48292 kg para el lote tratado versus 41375 kg para el lote testigo, en el 2022 esta tendencia se repitió obteniendo 38292 kg para el lote tratado y 32000 kg para el testigo. Esto nos da un indicio del beneficio de incorporar bioinsumos al cultivo, amigables con el medio ambiente y beneficiosos para la producción.

---

## **Mapeo por asociación para capacidad fotosintética y crecimiento en sorgo.**

Association mapping for photosynthetic capacity and growth in sorghum.

Rosas M.B.<sup>1\*</sup>, Pratta G.<sup>2</sup>, Guiamet J.J.<sup>3</sup>, Maguire Vanina<sup>1</sup>, Ortiz D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EEA INTA Manfredi, Córdoba, Argentina. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro Científico Tecnológico Rosario, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup> CONICET, Centro Científico Tecnológico La Plata, Instituto de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

\*belenrosas1604@gmail.com

El sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) es un cultivo utilizado para forraje, alimentación humana y bioenergía. La variabilidad reportada en el crecimiento y la capacidad fotosintética pueden usarse para obtener cultivares con mayor eficiencia en el uso del agua. El objetivo de este trabajo fue utilizar la variabilidad natural en el cultivo de sorgo para

descubrir las regiones genómicas que regulan su capacidad fotosintética y el crecimiento. Se realizaron en la EEA INTA Manfredi tres ensayos para caracteres fotosintéticos y de crecimiento, dos a campo y uno en invernadero utilizando el Panel de Asociación de Sorgo. Para los ensayos a campo se evaluaron 300 genotipos en un diseño  $\alpha$ -láttice con dos repeticiones, y para el ensayo en invernadero se seleccionaron 150 genotipos a través de un análisis estadístico multivariado (Análisis Factorial Múltiple), manteniendo así la variabilidad fenotípica y genotípica del panel. El diseño experimental utilizado también fue  $\alpha$ -láttice con tres repeticiones. Se realizaron mediciones de altura de planta (ALT), contenido de clorofila en hoja (SPAD), tasa de crecimiento (TC), tasa de aparición de hojas (TAH), días a floración (DAF), eficiencia de energía capturada ( $F_v/F_m$ ) y rendimiento cuántico efectivo de PSII ( $\Phi PSII$ ), densidad estomática (DE), y área foliar específica (AFE), además se analizaron otras variables como área total de hoja (ATH), largo de hoja (LH), ancho de hoja (AH), peso seco de hoja (PSH), largo de estoma (LE), ancho de estoma (AE), número de estomas (NE) y tamaño de estoma (TE). Para el ensayo en invernadero se añadió una medición de conductancia estomática (CE) con un porómetro SC-1. En los tres años los genotipos presentaron suficiente variabilidad fenotípica para las variables analizadas. Se encontraron correlaciones significativas entre algunas variables para los tres años, con heredabilidades en sentido amplio (H<sup>2</sup>) significativas. Los datos se analizaron con un modelo mixto y a partir de los BLUPs obtenidos se realizó un mapeo por asociación para cada variable con el software TASSEL. Se encontraron regiones genómicas significativas en el año 1 para ALT, AH, LH, ATH, PSH y TC en todos los cromosomas, para SPAD en cromosomas 1,3,4,6,9, para AFE en cromosomas 1,2,3,4,5,6 y LE en cromosomas 6,8,9 y 10. En el caso del año 2 se encontraron para ALT, SPAD, DAF y TC en todos los cromosomas, para AFE en cromosomas 2,4,5,8,10, para LE en cromosomas 1, 3, 9, para NE en cromosomas 6, y para LH en cromosoma 8. Por último, en el caso del año 3 se encontraron regiones genómicas significativas para ALT, TC, TAH y DAF en todos los cromosomas, para DE y NE en cromosoma 2 y para CE en cromosomas 1, 2, 3, 4, 5, 6,7 y 9. Se encontraron 40 marcadores significativos coincidentes entre ensayos. Los resultados indican asociaciones consistentes para las variables ALT y TC para los tres años evaluados, lo cual es útil para seguir evaluando estos materiales.

---

## Rescate de la especie *Gossypium barbadense* L. en las provincias aldoneras.

Rescue of the species *Gossypium barbadense* L. in the cotton provinces.

Spoljaric M.<sup>1\*</sup>, González A.<sup>1</sup>, Vallejos C.<sup>1</sup>, Klein L.<sup>1</sup>, Ayala L.<sup>1</sup>, Dileo P.<sup>2</sup>, Muchut R.<sup>2</sup>, Zafra G.<sup>1</sup>, Goytía Y.<sup>1</sup>, Royo O.<sup>3</sup>, Medina W.A.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>INTA EEA Sáenz Peña. <sup>2</sup>INTA EEA Reconquista. <sup>3</sup>INTA Corrientes. <sup>4</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, UNNE-CONICET. \*spoljaric.monica@inta.gob.ar

La fibra textil de algodón se extrae de la “planta del algodón”, un arbusto del género *Gossypium* originario de las regiones tropicales y subtropicales. Existen diferentes especies autóctonas en América, África, Asia y Australia. La especie *Gossypium barbadense* se habría originado en valles del norte del Perú donde se reconocen una forma típica y dos variedades. La forma típica: algodones silvestres y cultivados que se extienden por las regiones tropicales del Oeste de Sudamérica desde Colombia, a través de Ecuador y Perú, a Bolivia y el Noroeste de la Argentina. Las dos variedades reconocidas son: *G. barbadense* var *brasiliense*, es un ecotipo de las forestas de Brasil, con semillas arriñonadas, hojas y flores grandes, y *G. barbadense* var. *darwinii* endémica de las Islas Galápagos. Como objetivo principal del trabajo se enfocó en rescatar, coleccionar, herborizar, conservar y estudiar la variabilidad morfológica y molecular del germoplasma de “algodón de jardín” o Dooryard (*Gossypium barbadense*) en las provincias aldoneras. Con la información recolectada se buscó generar una base de datos georreferenciada de los ejemplares y luego realizar mapas de distribución geográfica de los mismos. A través de encuestas se analizaron aspectos socioeconómicos de los propietarios/as de los ejemplares. Como primera instancia al trabajo de colecta se planteó una búsqueda bibliográfica de viajes/expediciones de colectas anteriores por Argentina y países vecinos que permitió identificar los posibles sitios y comportamiento de la especie de interés. Luego a través de redes sociales del INTA EEA Sáenz Peña (Facebook/YouTube) y programas radiales de llegada masiva se convocó al público general a contactarse con los técnicos especialistas de la institución si conoce o tiene ejemplares de *Gossypium barbadense*. A las personas que respondieron a la convocatoria se las contactó personalmente y se visitó el lugar registrando los sitios de colecta a través de una encuesta al propietario del ejemplar. A partir de esta visita y colecta de ejemplares se logró identificar 34 genotipos que fueron georreferenciados y encuestados a través de planillas diseñadas específicamente para este trabajo. También se cosecharon sus semillas y se confeccionó un herbario y registro del ejemplar. Las semillas se

separaron de las fibras (desmote) de manera manual o con micro desmotadora. De estos genotipos, 25 de ellos fueron conservados en cámara de frío. Las muestras de herbarios se acondicionaron siguiendo el protocolo del IBONE. Además 21 genotipos se conservaron en invernáculos y 26 genotipos (10 plantas por genotipos) fueron sembrados en cámara aclimatada. A cada una de las plantas se le aplicó una gota de kanamicina para descartar contaminación de origen transgénico y se extrajo ADN para evaluación molecular. Como registro documental de todo el proceso se publicó en redes sociales un video sobre la actividad de extracción y conservación ([https://www.youtube.com/watch?v=td8nDwgbV\\_M](https://www.youtube.com/watch?v=td8nDwgbV_M)).

# Genética cuantitativa y biometría aplicada al mejoramiento



## Estimación de los parámetros del modelo de regresión ancestral en datos reales.

Estimation of the parameters of ancestral regression model in real data.

Angarita Barajas B.K.<sup>1\*</sup>, Forneris N.S.<sup>1-2</sup>, Munilla S.<sup>1-2</sup>, Cantet R.J.C.<sup>1-2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA) – CONICET. <sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

\*angaritabarajas@agro.uba.ar

Animal breeding programs employ SNP markers to predict the breeding values (BV) of individuals, using the so called 'genomic selection' (GS) methodology. To generalize the traditional animal model, a GS model called ancestral regression (AR) has recently been proposed that combines both pedigree and genomic data when predicting the BV of individuals from the current generation. This causal parametric model results from a regression of the BV of an individual on the BV of parents and grandparents. The regression equation in the AR for any individual involves two parameters,  $\beta_s$  and  $\beta_d$ , that are the partial regression coefficients specific to that individual. These parameters are function of the proportion of identity by descent (IBD) segments, resulting from the recombination of grandparental genomes in the paternal and maternal gametes, and can be estimated using SNP data from the grandparents, the parents, and the individual (complete information, CI). So far, AR parameters under CI have been estimated only in simulated data, with results limited by the simulation assumptions. The aim of this study was to estimate the AR parameters on a real pig population with complete pedigree and genomic information. CI Data on 3,068 pigs with genotypes for 40,595 SNPs having both parents and grandparents (1,606 animals) genotyped were used in the sequel. The pedigree contained 10,644 animals, and was comprised of the genotyped animals (4,674) and its ancestors. We first estimated the relationships between pairs of animals using the proportion of shared IBD segments. Then, and for each animal, the covariance matrix between grandparents and parents was built. Finally,  $\beta_s$  and  $\beta_d$  were estimated by solving a linear model conditional on the (co)variances among the CI ancestors. The estimated AR parameters were within the range of the expected values (-0.25 – 0.25). The mean value for the estimate of  $\beta_s$  was positive (0.0003) and with the smallest variability (SD=0.0209), whereas the mean of the estimate of  $\beta_d$  was negative (-0.0014) whereas the variability was greater (SD=0.0308). The estimated values of  $\beta_s$  ranged from -0.1301 to 0.0785, whereas the estimates of  $\beta_d$  ranged from -0.1894 to 0.1990. Under the ideal scenario of complete pedigree and genomic information, the AR parameters are feasible and simple to estimate using real data.

---

## La selección individual es más efectiva que la familiar en el mejoramiento genético de una gramínea forrajera perenne alógama.

Individual selection is more effective than family selection in the genetic improvement of an allogamous perennial forage grass.

Armando L.V.<sup>1\*</sup>, Garayalde A.F.<sup>2</sup>, Carrera D.A.<sup>1-3</sup>, Tomás M.A.<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. <sup>2</sup>Dpto. Matemática, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. <sup>3</sup>Instituto Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida UNS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. <sup>4</sup>Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET), Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, Santa Fe, Argentina.

\*lorenavarmando@gmail.com; tomas.maria@inta.gob.ar

La biomasa aérea es un carácter complejo para el mejoramiento por la interacción de múltiples factores genéticos y ambientales. Evaluar la base genética de caracteres relacionados al crecimiento y desarrollo morfológico que influyen sobre la producción del forraje permite conocer la proporción de la varianza genética debida a efectos aditivos, de utilidad en los planes de mejoramiento. Para estimar la heredabilidad y predecir la ganancia a obtener por selección es necesario definir no sólo el material y el ambiente de crecimiento, sino también la unidad de selección a aplicar. Así, por ejemplo, la selección familiar es recomendada sobre la individual cuando los efectos ambientales son grandes. *Panicum coloratum* es una gramínea C4 perenne subtropical con potencial para incrementar la producción de forraje en ambientes con déficit climático y edáfico. Es una especie tetraploide de reproducción alógama con escasa historia de mejoramiento comparado a otras gramíneas forrajeras particularmente templadas. Los objetivos del presente trabajo fueron estimar la heredabilidad y la ganancia genética por selección en caracteres morfológicos y fisiológicos asociados a la producción de forraje, comparando dos unidades de selección: individual y familiar. Se evaluaron 13 familias de una colección de *P. coloratum* var. *makarikariense* EEA INTA Rafaela. Cada familia de medios hermanos (HS), estaba compuesta por 30 plantas que se dispusieron a campo en un diseño de 5 bloques completos completamente aleatorizados (6 HS por familia por bloque-parcela). Seis caracteres vegetativos: longitud y ancho hoja (LH, AH, cm), n° de hojas por macollo (NH), n° de macollos por planta (NM), peso macollos (PM, gr) y biomasa aérea por planta (BP, gr) y dos caracteres fisiológicos: tasa de elongación foliar (TEF, cm mac<sup>-1</sup> día<sup>-1</sup>) y filocrono (Fil, °C día<sup>-1</sup>), se evaluaron en dos años consecutivos. Las determinaciones fueron a nivel de planta individual y cada año por separado. Las variables se analizaron con Modelos Lineales Mixtos (Infostat-R) con familia y genotipo como efectos aleatorios. La heredabilidad en sentido estricto (h<sup>2</sup>) fue estimada a partir de datos individuales y de medias de familia (PFM). Para calcular la ganancia genética esperada (%G) se utilizó una intensidad de selección de 30%. Las estimaciones se hicieron por año. Las familias evaluadas presentaron amplia variabilidad fenotípica. Las estimaciones de h<sup>2</sup> mediante PMF fueron siempre mayores (0,48 a 0,71) que las estimadas en base a planta individual. Los %G tras un ciclo de selección individual resultaron superiores al 100% en NM y BP. Sin embargo, los valores %G por PMF fueron inferiores a los de planta individual para todos los caracteres evaluados. Los resultados indican que, en estos materiales de *P. coloratum*, la selección individual sería más efectiva que la familiar, que podría estar relacionada a gran variación intrafamiliar entre individuos y reducidos efectos ambientales sobre los caracteres medidos en el ambiente de evaluación.

---

### **Efecto de la fertilización nitrogenada sobre caracteres reproductivos en plantas de dos líneas mejoradas de *Pappophorum vaginatum*.**

Effect of nitrogen fertilization on reproductive traits in plants of two improved lines of *Pappophorum vaginatum*.

Ciarrocchi G.<sup>1</sup>, Delpratto E.<sup>1</sup>, González Giraldo C.<sup>1</sup>, Andrade N.<sup>1</sup>, Porto N.<sup>1,2</sup>, Entio L.<sup>1\*</sup>, Bezus R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Cátedra de Introducción al Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>2</sup> Becario Doctoral de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP).

\*lisandro@agro.unlp.edu.ar

*Pappophorum vaginatum* es una gramínea de crecimiento primavero estival, nativa del continente americano, importante por su buen valor forrajero y su adaptación a condiciones semiáridas. Se encuentra presente en pastizales naturales del sudoeste semiárido de la provincia de Buenos Aires (Argentina), que son un recurso forrajero fundamental para la actividad ganadera de la región. La domesticación y selección de germoplasma de *P. vaginatum* permitiría su reincorporación en estos ambientes, favoreciendo la biodiversidad y la productividad secundaria del sistema. Además de su aptitud como forrajera, interesa evaluar su capacidad productora de semillas y qué caracteres y factores ambientales la determinan en mayor medida. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la fertilización nitrogenada sobre varios caracteres reproductivos en plantas de germoplasma seleccionado de *P. vaginatum* conducidas a campo. Semillas maduras de dos materiales seleccionados (líneas L8 y L9) de *P. vaginatum*, provenientes de poblaciones espontáneas recolectadas en la región semiárida bonaerense en 2012, se sembraron en bandejas plantineras en septiembre de 2019 y se condujeron en invernáculo. En febrero de 2020, los plantines de ambos materiales se trasplantaron en la Estación Experimental de Los Hornos de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP (La Plata, Buenos Aires). Las precipitaciones medias anuales históricas en este sitio son de 1002 mm

aunque las registradas en los años de estudio, 2020 y 2021, fueron de 800 mm y 701 mm, respectivamente. En macollaje del 1er y 2do año (10/2020-2021) se fertilizó manualmente con urea (40 kg/ha) a la mitad de las plantas de cada línea (F: fertilizado; NF: no fertilizado). En diciembre de 2021 (inicio de fructificación) se cosecharon las panojas maduras de cada planta y se determinó: número de panojas maduras por planta ( $n^{\circ}\text{Pan}$ ) y de cariósides por panoja por planta ( $n^{\circ}\text{C}$ ) (promedio  $n=2$  panojas), y longitud de panoja (LPan) (promedio  $n=5$  panojas). Además, se calculó el número de cariósides por planta ( $n^{\circ}\text{CPP} = n^{\circ}\text{Pan} \times n^{\circ}\text{C}$ ). Se realizaron un ANOVA y una prueba de Tukey ( $p \leq 0,05$ ) para todos los caracteres. Se registró interacción Línea\*Tratamiento ( $p \leq 0,05$ ) para  $n^{\circ}\text{CPP}$ , resultando superior el tratamiento de fertilización sólo en una de las líneas (L9F). Para  $n^{\circ}\text{Pan}$  y  $n^{\circ}\text{C}$  no se encontraron diferencias ( $p > 0,05$ ) entre líneas ni entre tratamientos. Para LPan, L9 resultó superior ( $p \leq 0,05$ ) a L8, aunque no se observó efecto de la fertilización. Mientras que la fertilización nitrogenada tiene un efecto positivo en la producción de semillas por planta en L9, en L8 no se observa respuesta alguna. La respuesta diferencial entre ambos materiales a la fertilización nitrogenada pudo haber estado asociada a diferencias genéticas (ej. diferente capacidad en la eficiencia del uso del nitrógeno). Se aclara que las precipitaciones medias de los años 2020 y 2021 fueron inferiores al promedio histórico y que las precipitaciones en octubre (25 mm) y diciembre (10,8 mm), meses en los cuales se realizó la fertilización y cosecha de panojas para muestreo, respectivamente, fueron escasas.

---

### **Caracterización fenotípica de híbridos de maíz para el rendimiento de etanol de primera y segunda generación mediante el análisis factorial en grupo, AFG.**

Phenotypic characterization of corn hybrids for first and second generation bioethanol yield using group factor analysis, GFA.

Farace M.L.<sup>1\*</sup>, Huicho J.<sup>2</sup>, Percibaldi M.<sup>1</sup>, Eyherabide G.<sup>1</sup>, Pacheco A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UNNOBA, Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires, Pergamino, Buenos Aires. <sup>2</sup>CIMMYT, Centro internacional de mejoramiento de maíz y trigo, Texcoco Ciudad de México.

\*marialujanfarace@gmail.com

La característica más importante para la industria de etanol a partir de grano o de biomasa es la concentración de carbohidratos estructurales. Sin embargo, se reportaron otras características composicionales del grano y de órganos celulósicos de la planta que podrían incidir sobre el rendimiento de etanol. Actualmente no existe una caracterización fenotípica que aborde integralmente a caracteres de calidad de grano, de biomasa, y sus respectivos rendimientos asociables a la producción de biocombustibles. Esta información permitiría establecer parámetros de calidad a considerar en la elección de cultivares y podría ser incorporada como criterio de selección en un programa de mejoramiento. El objetivo fue realizar una caracterización fenotípica exhaustiva de caracteres presuntamente relacionados con la producción de bioetanol obtenible a partir de grano y de biomasa mediante un análisis factorial en grupo (AFG) que permite profundizar el análisis de las interrelaciones entre grupos de caracteres cuantitativos considerados como variables aleatorias. Los experimentos siguieron un diseño de bloques completamente aleatorios con dos repeticiones, en cinco ambientes y 25 híbridos de maíz. Las variables fueron 34 y se agruparon en determinaciones químicas de calidad de grano (DQCG), determinaciones físicas de calidad de grano (DFCG), determinaciones químicas de calidad de biomasa (DQCB) y características agronómicas y productivas (CAYP). La matriz de datos original comprendió los mejores predictores lineales imparciales (para las 34 variables en los 25 genotipos evaluados) obtenidos a través de ambientes empleando modelos lineales mixtos con el programa META-R versión 6.0. Ésta fue centrada y estandarizada para usarla como entrada de datos en el AFG, y su factorización consistió en cuatro grupos iniciales. Siendo  $X_1$  la matriz formada por DQCG,  $X_2$  por DFCG;  $X_3$  por DQCB y  $X_4$  por CAYP. Se usó la librería GFA en R versión 3.5.1 para el análisis. En el AFG se obtuvieron  $K=3$  factores o componentes activos. El primer factor permitió diferenciar a los híbridos respecto a las características del endospermo y del germen y visualizar cómo estas influyen en la textura del grano y permitió identificar tres grupos de híbridos en relación con el rendimiento de etanol a partir de grano en alto, medio y bajo. El segundo factor diferenció a los genotipos respecto a sus características químicas de calidad de biomasa (excepto contenido de hemicelulosa), rendimiento de grano e índice de cosecha. El tercer factor reflejó la relación entre el rendimiento de grano y la biomasa producida a través del índice de cosecha, características de la espiga y producción de distintas fracciones vegetativas, además de una leve incidencia de caracteres de calidad química de biomasa. Asimismo, pudieron caracterizarse todos los híbridos e identificar híbridos

más promisorios para la producción de etanol. En conclusión, el AFG permitió disponer de una caracterización fenotípica integral de los híbridos estudiados, en cuanto a la calidad y dureza de grano, calidad de la biomasa y características agronómicas que permitieron definir cuáles de ellas y con qué niveles de expresión caracterizarían un ideotipo especialmente apto para la industria de bioetanol.

---

### **Tolerancia al déficit hídrico en girasol cultivado (*Helianthus annuus*): fenotipado a campo de la Población de Mapeo por Asociación del INTA.**

Drought tolerance in cultivated sunflower (*Helianthus annuus*): field phenotyping of INTA's association mapping population.

Heinz N.<sup>1-2\*</sup>, Mazzalay A.<sup>1</sup>, Filippi C.<sup>2-3</sup>, Paniego N.<sup>2-3</sup>, Lia V.<sup>2-3</sup>, Alvarez D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>INTA EEA Manfredi, Argentina. <sup>2</sup>CONICET Argentina. <sup>3</sup>INTA Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular CICVyA Hurlingham, Argentina.

\*heinz.nicolas@inta.gob.ar

Con el crecimiento de la población y el cambio climático, la seguridad alimentaria se ha convertido en un reto mundial. Se prevé que el aumento de la demanda requerirá que se duplique la producción de alimentos para 2050 (Henry, 2020). El déficit hídrico es uno de los factores ambientales que en mayor grado limita el crecimiento y rendimiento de los cultivos en el mundo (Boyer, 1982; Bohnert *et al.*, 1995; Nakashima *et al.*, 2014). El objetivo del presente trabajo fue evaluar el comportamiento de la tolerancia al déficit hídrico en 159 líneas endocriadas de la Población de Mapeo por Asociación del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), con el fin de generar datos fenotípicos para estudios de mapeo por asociación e identificar nuevas fuentes de tolerancia. Las líneas endocriadas se sembraron siguiendo un diseño de bloques parcialmente repetidos con parcelas distribuidas al azar. Se colocó agroetileno para evitar la entrada de agua por precipitación y generar un déficit hídrico moderado y progresivo hasta el final del ciclo. La condición de riego se logró utilizando riego por goteo. El porcentaje de agua útil disponible promedio para las tres campañas fue a la siembra del 51,3% y 48,3%, floración 70,3% y 34%, madurez fisiológica 51,2% y 20% para las condiciones de irrigación y sequía respectivamente. Durante el periodo fenológico R3-R5 (Schneiter & Miller, 1981) se registraron variables morfo-fisiológicas como descriptores del déficit hídrico: temperatura foliar, conductancia estomática, interceptación de la radiación, altura de planta, diámetro del tallo y diámetro de capítulo. Posterior a la cosecha se midieron como descriptores del déficit hídrico: peso de 100 semillas, número de semillas por capítulo, contenido de aceite, rendimiento de semillas y rendimiento de aceite. El tiempo hasta la floración se registró como un rasgo fenológico. Los análisis estadísticos se realizaron con el software Infostat. Se encontraron diferencias significativas ( $p > 0,05$ ) entre líneas endocriadas para todos los descriptores de la tolerancia al déficit hídrico, dejando en evidencia la amplia variabilidad génica de la población en estudio. Bajo la condición de déficit hídrico todos los descriptores de tolerancia presentaron valores absolutos más bajos, con la excepción del tiempo térmico hasta la floración, la temperatura foliar y el peso de 100 semillas, que fueron más altos ( $p > 0,05$ ). Los modelos mixtos mostraron efectos significativos en la interacción genotipo\*condición para rendimiento de semillas, rendimiento de aceite, número de semillas por capítulo, diámetro de capítulo e interceptación de la radiación ( $p > 0,05$ ), mostrando respuestas diferenciales de los genotipos para las condiciones analizadas. A partir de las medias ajustadas se generaron índices de tolerancia (dos Santos Silva *et al.*, 2021; Thiry *et al.*, 2016) con el fin de evaluar la capacidad de resiliencia y producción en ambientes de déficit hídrico e identificar genotipos con comportamiento diferencial para dicha tolerancia. En conclusión, el presente estudio permitió identificar genotipos con comportamiento diferencial al déficit hídrico, actualmente los datos generados están siendo utilizados para estudios de mapeo por asociación en el programa de mejoramiento genético de girasol en INTA.

---

### **Germinación y peso de semillas de poblaciones espontáneas de *Sporobolus indicus* de estepas de halófitas de la Pampa Deprimida (Buenos Aires).**

Germination and weight of seeds in populations of *Sporobolus indicus* of halophyte steppes from the Pampa Deprimida (Buenos Aires).

May M.P.\* , Bezus R., Entio L.J.

Cátedra de Introducción al Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.

\*paula.may@agro.unlp.edu.ar

*Sporobolus indicus* es una gramínea perenne primavero-estival, nativa de América y presente en pastizales de la Pampa Deprimida (Buenos Aires). Allí, donde los suelos son hidro-halomórficos, con bajo porcentaje de materia orgánica y distintos niveles de sodicidad/salinidad, compactados y con anegamientos temporarios, se halla presente dada su habilidad colonizadora y competitiva. Por su calidad forrajera y adaptación constituye un recurso valioso en un ambiente frágil como el descrito. No obstante, el pastoreo continuo del ganado vacuno ejerce una fuerte presión sobre la especie y el ecosistema, degradándolo. Resulta importante caracterizar y conservar las especies nativas halófitas del pastizal pampeano para luego avanzar en su domesticación y promover su reincorporación a estos agroecosistemas, a fin de mejorar su productividad y mantener su biodiversidad. Para comenzar a diseñar un programa de selección de la especie es necesario estudiar, por ejemplo, caracteres determinantes de su implantación. En este sentido, analizar el comportamiento germinativo y su variabilidad sería clave. El objetivo de este trabajo fue analizar variabilidad en la germinación de semillas de poblaciones espontáneas de *S.indicus* según su peso. En abril de 2022 se recolectaron cariósides maduras de cinco poblaciones (P1, P2, P3, P4 y P5) espontáneas de *S.indicus* en los partidos de Magdalena y Punta Indio y se almacenaron a 4°C hasta iniciar el ensayo. Para cada población, cariósides sin sus coberturas (lema y pálea) fueron separadas visualmente en dos categorías de tamaño (grandes y pequeñas). Luego, se determinó el peso de dichas categorías pesando 50 cariósides por cada población y categoría (n=4). A los 74 días desde la cosecha, se dispusieron 50 cariósides de cada población y categoría (5 poblaciones x 2 categorías de peso de semillas x 4 repeticiones) sobre papel de filtro humedecido en cajas de Petri y se colocaron en estufa a 27,5°C. Diariamente, durante 27 días, se registró la cantidad de cariósides germinadas (radícula  $\geq$  2 mm). Se determinó: peso de 50 cariósides (P50), porcentaje de germinación acumulada (Gac%) e índice de velocidad germinativa (IVG). Se realizó ANOVA y prueba de Tukey ( $p \leq 0,05$ ). Se encontraron diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) para el P50 entre poblaciones y entre categorías de peso de cariósides dentro de cada una de ellas. La Gac% y el IVG no presentaron diferencias significativas ( $p > 0,05$ ) entre poblaciones ni entre categorías de peso de cariósides. La Gac% fue de 0,1% para P3, P4 y P5, y de 2% para P1 y P2. Si bien, la dormición en la especie es conocida y debido al tiempo postcosecha (2,5 meses) son esperables valores bajos o nulos de germinación, este primer ensayo permitiría comenzar a observar si los materiales presentan variabilidad en cuanto a la pérdida de la dormición. Asimismo, los valores mínimos de Gac% de algunas poblaciones (i.e. P1 y P2) podrían representar un número considerable de semillas con capacidad de germinar respecto a la cantidad de semillas producidas por planta. Se aclara que nuevas evaluaciones se están realizando para determinar la variabilidad entre poblaciones y categorías de peso de semillas en la pérdida de la dormición en distintas fechas desde la cosecha.

---

## Acciones génicas y heredabilidad del scuffing en genotipos de girasol tipo confitero.

Gene actions and heritability of scuffing in confectionary type sunflower genotypes.

Mazzalay A.<sup>1\*</sup>, Alvarez D.<sup>1</sup>, Gatti I.<sup>2-3</sup>, Heinz N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EEA INTA Manfredi, Ruta 9 Km 636. <sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR. Campo Experimental J.F. Villarino. CC 14 (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Consejo de Investigadores Universidad Nacional de Rosario (CIUNR), Argentina.

\*mazzalay.agustin@inta.gob.ar

En la actualidad alrededor del 10% de la producción mundial anual del grano de girasol se destina a fines no aceiteros; sin embargo, las demandas del mercado son cada vez mayores debido a su valor nutritivo para el consumo humano, así como también para la alimentación de aves y mascotas. La pérdida de color por fricción es un carácter de gran

importancia industrial, que afecta al aspecto de la cáscara y se penaliza en la comercialización del girasol tipo confitería. El objetivo de este trabajo fue desarrollar una metodología objetiva inédita a través del uso de un software especializado que permita cuantificar el roce y determinar las acciones génicas involucradas y la heredabilidad. Para esto se realizaron ensayos a campo con cruzamientos dirigidos de 8 líneas endocriadas androestériles (A) y un híbrido simple que actúa como progenitor femenino, con dos líneas restauradoras de la fertilidad (R), en un diseño North Carolina II durante la campaña agrícola 2017/ 2018 en dos localidades, Huinca Renancó y Manfredi. Se usó el software de licencia libre Tomato Analyzer 3.0 (Rodríguez *et al.*, 2010), para determinar el scuffing. Sobre cada una de las muestras escaneadas en formato .jpg con 600 dpi, se lo expresó como la diferencia en porcentaje de la intensidad de luz/oscuridad del parámetro L\* obtenida de 15 granos de cada genotipo de cada repetición tomados al azar y valor promedio del máximo valor de L\* de 5 granos adicionales de cada genotipo que fueron seleccionados por no presentar scuffing. A través del diagnóstico por imágenes se pudo cuantificar de manera objetiva la pérdida de color por rozamiento, que hasta el momento se realiza mediante determinación visual, e iniciar los estudios genéticos del modo de herencia de este carácter. Incrementando el número de granos analizados, al compararlo con la metodología tradicional que solo usa 3 granos por muestra tomados al azar y su estimación es visual. De este modo se podrán identificar los mejores híbridos que se pueden obtener a partir de los materiales utilizados, como así también destacar líneas y probadores para continuar el proceso de mejoramiento.

---

### **Heterosis y heredabilidad para tamaño de grano (largo y ancho de pericarp) en híbridos de girasol (*Helianthus annus L.*) tipo confitero.**

Heterosis and heritability for kernel size (pericarp length and width) in sunflower (*Helianthus annus L.*) confectioner-type hybrids.

Mazzalay A.<sup>1\*</sup>, Alvarez D.<sup>1</sup>, Gatti I.<sup>2-3</sup>, Heinz N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EEA INTA Manfredi, Ruta 9 Km 636. <sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR. Campo Experimental J.F. Villarino. CC 14 (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Consejo de Investigadores Universidad Nacional de Rosario (CIUNR), Argentina.

\*mazzalay.agustin@inta.gob.ar

En la actualidad alrededor del 10% de la producción anual mundial de grano de girasol se utiliza para fines no aceiteros y las demandas del mercado y áreas de producción van en aumento debido a su valor nutricional para la alimentación humana, como así también para la nutrición de aves y mascotas. El tamaño del grano es uno de los caracteres de calidad más importantes en el girasol tipo confitero. Es por eso que el objetivo del trabajo es estimar los valores de heterosis y heredabilidad en sentido estricto (HSE) para este carácter cuantitativo. Para esto se evaluaron los cruzamientos prueba de 8 líneas endocriadas androestériles (A) y un híbrido simple androestéril, con dos líneas restauradoras (R) en un diseño North Carolina II durante la campaña agrícola 2017/2018 en dos localidades, Huinca Renancó (HR) y Manfredi; en esta última en dos fechas de siembra (MF1, MF2). La unidad experimental consistió en dos surcos de 5,10 metros a 0,70 m en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones. A través del software Tomato Analyzer 3.0 (Rodríguez *et al.*, 2010) se midieron muestras de 15 granos al azar que luego fueron escaneadas en formato .jpg 600 dpi. La heterosis de los cruzamientos prueba se calculó utilizando: la heterosis parental media (HTS) y la heterobeltiosis (HTB). La heredabilidad se determinó de manera automática, usando el procedimiento propuesto por Cruz (2013), empleando el software Genes, versión 2019. Todos los cruzamientos de prueba presentaron heterosis negativa ya que ninguno de los híbridos fue más largo que el probador 669. Por lo tanto, se presentó herencia intermedia. Este resultado está de acuerdo a lo hallado por Jovic *et al.* (2000). Los híbridos cruzados por el probador 401 fueron los de semilla más ancha con valores de heterosis positivos, alcanzó el máximo vigor en MF2. En cuanto a la HSE, en los cruzamientos prueba presentó valores relativamente altos, 0,53 para el largo y 0,75 para el ancho. En conclusión, se utilizaron de manera efectiva los softwares que permitieron de un modo sencillo y preciso incrementar el número de unidades por muestras medidas al compararlo con la medición tradicional, y automatizar los cálculos matemáticos para avanzar en el modo de herencia de este carácter.

## Variabilidad en el crecimiento inicial y supervivencia en plantas de dos poblaciones espontáneas de *Stapfochloa berroi*.

Variability in the initial growth and survival in plants of two spontaneous populations of *Stapfochloa berroi*.

Porto N.<sup>1-2\*</sup>, Podestá S.<sup>2</sup>, Delpratto E.<sup>2</sup>, Ciarrocchi G.<sup>2</sup>, Entio L.J.<sup>2</sup>, Bezus R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Becario Doctoral de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP). <sup>2</sup>Cátedra de Introducción al Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP

\*nicolasporto@agro.unlp.edu.ar

La cría bovina es la actividad agroproductiva más relevante de la Pampa Deprimida, subregión con aproximadamente 4,75 millones de hectáreas de ambientes hidrohalmórficos. Estos ambientes -con anegamientos y sequías, sodicidad y/o salinidad y bajo contenido de materia orgánica- son susceptibles de ser degradados por disturbios como el pastoreo, afectándose la estructura y composición del pastizal. El pastoreo continuo conduce a la selección de especies de mayor valor forrajero y a su disminución en densidad, limitando la productividad primaria y la receptividad ganadera del sistema. *Stapfochloa berroi* es una gramínea perenne de crecimiento primavero estival, nativa de Sudamérica, clave en estos ambientes por su adaptación y buen valor forrajero. La reincorporación de germoplasma seleccionado de *S. berroi* permitiría recuperar la biodiversidad mejorando, entre otras funciones, la productividad secundaria. El objetivo de este trabajo fue evaluar supervivencia y crecimiento inicial de plantas de poblaciones espontáneas de *S. berroi* conducidas en un ambiente bajo alcalino. En enero de 2016 se recolectaron semillas maduras de dos poblaciones espontáneas (P) de *S. berroi* en los partidos de Magdalena (P1) y Punta Indio (P2) y se almacenaron a 4°C hasta su siembra. En octubre de 2020 las semillas se sembraron en bandejas plantineras y se condujeron en invernáculo. En enero de 2021 96 plantas por población se trasplantaron en una clausura al ganado doméstico en el establecimiento "El Amanecer" (FCAyF-FCV, UNLP) (Magdalena, Buenos Aires). Durante el período de ensayo a campo (1/2021-6/2022) las precipitaciones medias (845 mm en 2021 y 325 mm en el primer semestre de 2022), fueron inferiores al promedio (973 mm promedio histórico anual y 512 mm promedio histórico para el primer semestre). Se relevaron datos en 4 momentos (F) del ciclo del cultivo: 29/10 (F1) y 29/12 (F2) de 2021 y 14/03 (F3) y 14/06 de 2022 (F4). En F1 y F3 se registró el diámetro basal de planta (Db) para calcular área basal ( $Ab = \pi * Db^2 / 4$ ) y en F1, F2 y F3 se determinó número de macollas en madurez de su inflorescencia (n°mac). En F4 se registró la pérdida de plantas para calcular un porcentaje de supervivencia (%S) y se cosechó la biomasa aérea acumulada de cada planta a 5 cm de altura para determinar, luego de 72hs en estufa a 60°C, biomasa seca aérea (BSA) en balanza. Las medias se compararon por prueba t de Student ( $p \leq 0,05$ ). En F1 no se registraron diferencias ( $p > 0,05$ ) entre poblaciones para el Ab, aunque P1 produjo un mayor ( $p \leq 0,05$ ) n°mac. En F2 no se registraron diferencias ( $p > 0,05$ ) entre poblaciones en el n°mac. En F3 P2 resultó superior ( $p \leq 0,05$ ) a P1 en n°mac y Ab. No se registraron diferencias ( $p > 0,05$ ) entre poblaciones para BSA y %S. P2 tiene una fase vegetativa más larga, lo que podría explicar su mayor Ab, y prolonga su fase reproductiva hasta otoño, lo que indicaría una menor sensibilidad a las bajas temperaturas y a los días cortos. Similar %S y BSA indican ausencia de adaptación diferencial a las condiciones halomórficas y de sequía imperantes durante el ensayo.

---

## Variabilidad en la emergencia de plántulas en poblaciones espontáneas de *Stapfochloa berroi*.

Seedling emergence variability in spontaneous populations of *Stapfochloa berroi*.

Porto, N.<sup>1-2\*</sup>, Entio L.J.<sup>2</sup>, Bezus R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Becario Doctoral de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP). <sup>2</sup>Cátedra de Introducción al Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP.

\*nicolasporto@agro.unlp.edu.ar

El 24% de la superficie de la provincia de Buenos Aires (7,08 millones de hectáreas) está ocupada por suelos hidrohalmórficos que, por sus características, limitan la producción forrajera y, consecuentemente, la producción ganadera. Una estrategia válida para mejorar la productividad en estos ambientes es la reincorporación de germoplasma seleccionado de especies vegetales nativas y/o naturalizadas de la región, adaptadas a esas condiciones limitantes específicas. *Stapfochloa berroi* es una gramínea nativa de Sudamérica, de crecimiento primavero estival, componente clave de la comunidad estepa de halófitas por su valor forrajero y su adaptación a condiciones

halomórficas y de déficit hídrico. Una primera etapa del fitomejoramiento de *S. berroi* implica verificar la existencia de variabilidad genética entre y dentro de poblaciones espontáneas no sólo en caracteres vinculados a la producción y calidad forrajera, sino también en aquellos vinculados a la implantación y a la habilidad competitiva. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad en la emergencia de plántulas en poblaciones espontáneas de *S. berroi* conducidas en invernáculo. En marzo de 2021 se recolectaron semillas maduras de *S. berroi* en cuatro sitios geográficos en los partidos de Magdalena y Punta Indio (Buenos Aires) para constituir cuatro poblaciones. El 29 de septiembre de 2021 se sembraron semillas de las cuatro poblaciones en bandejas plantineras utilizando sustrato comercial y se condujeron en invernáculo con riegos frecuentes. Durante el ensayo las temperaturas variaron entre  $15,76 \pm 0,48$  y  $28,10 \pm 0,39^\circ\text{C}$ , y la humedad relativa entre  $43,33 \pm 1,94$  y  $83,39 \pm 1,42\%$  (mínimas y máximas medias  $\pm$  error estándar). A partir de la primera plántula emergida (ápice de primera hoja visible), cada tres días se fue registrando la emergencia hasta que luego de tres días consecutivos no se observaron nuevas plántulas (día 40 desde el inicio del ensayo). Con estos datos se calculó el porcentaje de emergencia acumulada (%E) y un índice de velocidad de emergencia (IVE=  $E1/T1 + E2/T2 + \dots + Gn/Tn$ , donde E= plántulas emergidas, T= día de emergencia, n= día del último control de emergencia). Se realizó ANOVA y prueba de Tukey para ambos caracteres ( $p \leq 0,05$ ). No se encontraron diferencias significativas ( $p > 0,05$ ) entre poblaciones para ninguno de los caracteres evaluados, aunque sí se destacó en las cuatro poblaciones la elevada variabilidad intrapoblacional, expresada en CV (%): entre 28,20 y 55,95% para %E, y entre 26,37 y 63,71% para IVE. Los valores promedio de %E e IVE de las poblaciones variaron entre 20,5 y 29% y entre 0,24 y 0,34, respectivamente. En las condiciones ensayadas, las poblaciones muestran similar habilidad competitiva para emerger. A pesar de la ausencia de variabilidad interpoblacional, la elevada variabilidad intrapoblacional para %E e IVE hace promisoría la posibilidad de iniciar un plan mejor para estos caracteres vinculados a la implantación. Estudios sobre el comportamiento germinativo realizados en esta especie sugieren la existencia de una dormancia física de las semillas de alrededor de 8 meses, lo cual podría explicar parcialmente el bajo %E e IVE obtenidos en este estudio, realizado al inicio del octavo mes desde la cosecha de las semillas.

---

## Variabilidad en la germinación e incidencia de micopatógenos en semillas de poblaciones espontáneas de *Stapfochloa berroi*.

Variability in germination and incidence of mycopathogens in seeds of spontaneous populations of *Stapfochloa berroi*.

Porto N.<sup>1-2\*</sup>, Entio L.J.<sup>2</sup>, Bezus R.<sup>2</sup>, Martínez S.I.<sup>3-4</sup>

<sup>1</sup>Becario Doctoral de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP). <sup>2</sup>Cátedra de Introducción al Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP. <sup>3</sup>Becario Doctoral CONICET. <sup>4</sup>Centro de Investigaciones en Fitopatología (CIDEFI). CIC-UNLP.

\*nicolasporto@agro.unlp.edu.ar

El pastoreo del ganado doméstico es un factor que afecta la estructura y funcionamiento de las comunidades vegetales. Cuando es manejado inadecuadamente, puede llevar a la degradación irreversible del pastizal, afectando a la productividad primaria y secundaria del mismo. Este efecto se vuelve más perjudicial en ambientes frágiles, susceptibles de ser degradados, como los bajos alcalinos de la Pampa Deprimida. Dada la importancia de estos ambientes para la producción ganadera de dicha región, una estrategia de restauración como la reincorporación de germoplasma nativo seleccionado sería clave, tanto para favorecer la productividad del sistema como su biodiversidad. Una especie nativa de estos sitios es *Stapfochloa berroi*, gramínea de buen valor forrajero y adaptación a condiciones hidromórficas que resultan limitantes para especies exóticas. *S. berroi*, por selección del ganado en planteos de pastoreo continuo, es desplazada del pastizal en detrimento de la calidad y productividad forrajera de la comunidad. Así, interesa conocer el comportamiento germinativo de la especie y factores que lo puedan afectar. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad en la germinación de semillas dentro y entre poblaciones espontáneas de *S. berroi*, y la incidencia e identificación de micopatógenos que las afectan. Semillas maduras de poblaciones espontáneas de *S. berroi* se cosecharon en marzo de 2021 en diferentes puntos geográficos de la Pampa Deprimida (Buenos Aires) para constituir cuatro poblaciones. El 7 de marzo de 2022 se inició el ensayo de germinación con 50 semillas, colocadas sobre papel de filtro humedecido, por caja de Petri (n=4) para cada población. Se mantuvo la humedad en las cajas durante todo el ensayo y se registraron las temperaturas mínimas y máximas diarias, que

fluctuaron entre 23,5 y 24,5°C. Con la primera semilla germinada (radícula>3mm) comenzó el relevamiento de datos hasta el día 12, luego del cual no se registraron nuevas germinaciones. Finalizado el ensayo, se realizó un análisis fitopatológico de las semillas. Con los datos relevados se determinó: germinación acumulada (Gac%), porcentaje de incidencia de hongos (Inc%) (semilla enferma fue la que, observada a la lupa, presentaba micelio) y los géneros fúngicos que las afectaban. Se realizó ANOVA y prueba de Tukey ( $p \leq 0,05$ ). Se registraron bajos valores de Gac%, entre 1 y 7,5%, y una población resultó superior ( $p \leq 0,05$ ) al resto. También se destacó la amplia variabilidad intrapoblacional encontrada en todas las poblaciones, expresada en CV (%), con valores de entre 38 y 96%. Los valores de Inc% estuvieron entre 29 y 75%. La población con mayor Inc% ( $p \leq 0,05$ ) resultó ser la que tuvo mayor Gac%. Los géneros fúngicos identificados fueron *Alternaria sp.*, *Epicoccum sp.* y *Fusarium sp.*, con una incidencia de entre 60 y 100%, 5 y 33% y 9 y 11%, respectivamente. A pesar de los bajos valores de germinación acumulada, se verifica la existencia de variabilidad genética intra e interpoblacional para este carácter. En principio, la incidencia de hongos en la semilla no explicaría los bajos valores de Gac%.

---

### **Determinación del tamaño de parcela óptimo por el método de la máxima curvatura para la evaluación de clones de banana (*Musa x paradisiaca*) en la provincia de Formosa.**

Determination of the optimal plot size by the maximum curvature method for the evaluation of banana clones (*Musa x paradisiaca*) in the province of Formosa.

Tenaglia G.C.<sup>1</sup>, Pratta G.R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Área de Investigación Para la Agricultura Familiar en el NEA (AIPAF-NEA). <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

\*tenaglia.gerardo@inta.gob.ar

En Argentina, las condiciones climáticas son rigurosas para la banana, cultivo tropical de reproducción estrictamente asexual. Se cultiva en las zonas subtropicales del norte del país, siendo un cultivo importante para los productores familiares de la provincia de Formosa. En estas condiciones de clima subtropical, sólo se puede obtener una cosecha anual, a diferencia de las dos que se realizan en las zonas productoras tradicionales. Por estos motivos, si bien existe información a nivel internacional, es necesario re-evaluar en condiciones locales la producción de cultivares de uso rutinario, así como determinar el tamaño de parcela óptimo para que los resultados obtenidos tengan robustez estadística. El objetivo de esta comunicación es aplicar el método de la curvatura máxima, con modificaciones propias del sistema de producción bajo evaluación, a fin de determinar el tamaño óptimo de parcela para la evaluación de cultivares de difusión internacional de banana en la provincia de Formosa. En el campo experimental de Laguna Naick-Neck del INTA, se midió el rendimiento (R, kg de fruta/planta) en 4 variedades de uso internacional (n = 32 plantas por cultivar), tomando el valor medio de 4 campañas de evaluación. Se aplicó el método de la curvatura máxima, en un diseño en bloques completamente aleatorizado. Dado que este efecto fue no significativo, se formaron al azar grupos de 2, 4, 6, 8, 10, 11, 14 y 16 plantas por parcela (PPP). En estos grupos, se calculó la media, el desvío estándar (DE) y el coeficiente de variación (CV) para R, y se estimaron las regresiones lineales y no lineales de media, DE y CV, respectivamente, con los diferentes PPP. Todos los análisis estadísticos se hicieron con el programa InfoGen. Los valores de media de R no variaron entre los diferentes PPP, y tanto el coeficiente de regresión lineal, como el de regresión no lineal fueron no significativos ( $p > 0,05$ ) entre estas variables. Sin embargo, los valores de DE y CV tendieron a disminuir a medida que aumentó PPP. Tanto los coeficientes de regresión lineal como no lineal fueron significativos ( $p < 0,05$ ) y negativos para DE y CV en relación a PPP, siendo mayor el porcentaje de variación explicada por el modelo no lineal en ambos casos. A partir de un valor de PPP entre 3 y 6, la tasa de decrecimiento de ambas variables dependientes (DE y CV, respectivamente, que mostraron la forma de una función inversa) tienden a estabilizarse en relación a la variable regresora. Como conclusión, empleando materiales vegetales de uso internacional, se determinó que para evaluar con robustez estadística variedades de banana en las condiciones de producción de la provincia de Formosa (Noreste argentino), el tamaño calculado óptimo es de 6 plantas por parcela. Debido a la complejidad en la fenología, derivada de la relación cultivo tropical/clima subtropical, y a la marcada influencia de las reservas acumuladas en el pseudotallo para cada nuevo ciclo, sería conveniente que las parcelas contengan entre 8 y 10 plantas.

# Biología molecular y herramientas genómicas aplicadas al mejoramiento



## Marcadores moleculares para la selección de genotipos de trigos resistentes a royas y con buen contenido de proteínas.

Molecular markers for identification of rusts resistance in wheat genotypes with high grain protein content.

Acosta M.G.\*, Bessone V., Lassaga S.L., Giéco L.C.

Departamento Mejoramiento - INTA-EEA Paraná – Ruta 11 km 12,5, Oro Verde – Entre Ríos, Argentina. Tel.: 0343-4975200-int. 4256.

\*acosta.maria@inta.gob.ar.

Los programas de mejoramiento genético de trigo utilizan marcadores moleculares (MM) para seleccionar genotipos con características deseables. La resistencia a enfermedades es una de ellas y el gen *Lr34* confiere resistencia durable a roya de la hoja (RH). Entre los MM utilizados para este gen se encuentran: *csLV* (ligado al *Lr34*) y *cssfr5* (sobre el *Lr34*). La roya amarilla (RA) o estriada continúa afectando con el mismo nivel de complejidad que se viene desarrollando desde la aparición de las nuevas razas exóticas, llegando a un nivel epifítico histórico en 2017. *Yr10* es uno de los genes efectivos que aporta a la resistencia a la enfermedad, por lo que fue utilizado en este trabajo para seleccionar genotipos con resistencia parcial a RA. En relación a la calidad panadera, el contenido de proteína de grano (CPG) es uno de los factores de calidad a tener en cuenta para la harina de panificación. El gen *Gpc-B1* otorga una concentración de proteínas en el grano superior comparado con las líneas negativas. El objetivo del trabajo fue seleccionar líneas F6 del programa de mejoramiento de trigo del INTA EEA Paraná por la presencia de genes que otorgan resistencia a RH y RA; y con alto CPG. De las 391 líneas testeadas, el 2% de los genotipos poseen el haplotipo resistente para *Lr34* (positivos ambos marcadores: *csLV* y *cssfr5*). Para *Yr10* se encontró que aproximadamente el 50% de la población testada, resultó positiva para este marcador. En relación a la calidad panadera, se determinó que el 6.4 % resultó ser portador del gen para CPG. Con esta información, se seleccionarán las líneas portadoras de los genes de resistencia (RH y RA); y CPG. Esta selección permitirá mayor eficiencia en el programa de mejoramiento.

---

## Proteínas cítricas de la familia SNAKIN/GASA como posibles péptidos antimicrobianos contra bacterias fitopatógenas.

Citrus SNAKIN/GASA family protein as potential antimicrobial peptides against phytopathogen bacteria.

Bekier F.\*<sup>1-2</sup>, Conte M.<sup>1</sup>, Frias N.<sup>1-3</sup>, Hopp E.<sup>1-2</sup>, Conti G.<sup>1-4</sup>

<sup>1</sup> IABIMO. <sup>2</sup> FCEN – UBA. <sup>3</sup> UNAHUR. <sup>4</sup> FA – UBA

\*bekier.florencia@inta.gob.ar

Argentina is the world's top yellow lemon exporter and eighth-largest citrus producer. In particular, orange (*Citrus sinensis*) production is crucial for local consumption and together with lemon, for juice export. Huanglongbing or greening disease (HLB), citrus canker, black spot, and citrus variegated chlorosis (CVC) are some of the diseases that significantly decrease production. Therefore, it is crucial to develop different approaches for controlling them. As one strategy, plant overexpression of antimicrobial peptides (AMP) could increase broad-spectrum resistance against phytopathogens. The endogenous AMP gene stacking might be a very effective alternative to produce intragenic-resistant plants with a significant decrease of multi-pathogens in the fields. SNAKIN/GASA is a well-known antimicrobial protein family since overexpression of potato SNAKIN1 has a proven effect against several fungi and bacterial pathogens in different crops. Our group is interested in studying the citrus SNAKIN/GASA family with the aim to find if overexpression of any of these peptides is able to reduce citrus canker and eventually HLB diseases. Both of

them are caused by the gram-negative bacterias *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (Xcc) and *Candidatus liberibacter* respectively and could be reduced by the direct effect of enhanced expression of AMPs. By employing the “Citrus Genome Database” we identified the SNAKIN/GASA sequence genes in *C. limon*, *C. sinensis*, and *Poncirus trifoliata* and we also identified novel genes of the family in Citrumelo, *C. aurantium*, *C. limonia*, *C. jambhiri* and *Microcitrus warburgiana*. We checked the presence of the 12-cysteine amino acid GASA-domain and classified all the genes into three – SNAKIN/GASA subfamilies according to their distinctive conserved motives. To analyze floral, juvenile, and mature leaf tissues, we chose eleven of them. We then used absolute qPCR to measure their expression in *C. limon* var ‘Eureka’, *C. reticulata* var ‘Clemenule’, *Poncirus trifoliata*, *Troyer citrange* and Rangpur. Several members of the three subfamilies have shown greater expression in floral tissue, which would denote antibacterial potential. Based on this criterium, we selected three genes, members of subfamily I, II and III respectively to analyze their effect against pathogenic bacteria. Among them, we include the closest member of *Citrus* sp. to potato SNAKIN-1. To this point, we are challenging with the selected genes by transiently overexpressing the selected genes in *N. benthamiana* and then challenging plants with the natural pathogen of this species, *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*, a compatible pathogen, and Xcc, an incompatible pathogen. We hypothesize that some of the SNAKIN/GASA peptides overexpression may decline bacterial growth, and also be able to reduce disease symptoms in the compatible pathosystem. We are expecting to find at least one gene with favorable performance that could lead to new, appealing biotechnological advancements as a long-term fix to reduce citrus phytopathogen.

---

## Mejoramiento genético de Rizobios para una producción sustentable de soja.

Genetic improvement of Rhizobia for sustainable soybean production

Brambilla S.\*<sup>1-2</sup>, Liebrez K.<sup>1-2</sup>, Gomez C.<sup>1</sup>, Soto G.<sup>1-2</sup>, Ayub, N.<sup>1-2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Genética Ewald A. Favret, (INTA), Buenos Aires, Argentina; Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMO), CONICET-INTA, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Centro Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina

\*brambilla.silvina@inta.gob.ar

Los rizobios son sensibles a diferentes factores de estrés abiótico, viéndose afectada la fijación biológica de nitrógeno (FBN) y la productividad de las leguminosas. Se ha visto que estas bacterias, bajo condiciones extremas, desarrollan resistencia a diversas formas de estrés, como por ejemplo al H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. La eficiencia de la colonización de los rizobios depende de su capacidad de producir enzimas y compuestos antioxidantes de bajo peso molecular que reducen el efecto de especies reactivas del oxígeno (ROS). Contribuir a la sustentabilidad económica y ambiental de la producción de soja mediante el mejoramiento de la tolerancia al estrés abiótico de los rizobios utilizados como inoculantes. En placas con medio YEM suplementado con 5 mM de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> se sembraron 100 µl de un cultivo en fase exponencial de *Bradyrhizobium japonicum* E109 para obtener colonias tolerantes. Luego de 10-14 días de incubación a 28°C se seleccionaron las colonias tolerantes. Se realizó una caracterización fenotípica y genotípica de las cepas tolerantes de *Bradyrhizobium japonicum*. Las colonias tolerantes fueron cultivadas en medio YEM líquido y se sembraron 100 µl en placas con YEM. Luego, se dispuso un disco de filtro de papel sobre el cual se dispensaron 5 µl de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 30 volúmenes. Transcurridos 7 días, se midió el halo sin crecimiento bacteriano para determinar el grado de tolerancia. Los genomas de las cepas mutantes y salvaje se secuenciaron mediante la tecnología Illumina HiSeq1500, y luego se analizaron con el software Geneious. La actividad catalasa se determinó de forma cualitativa por el agregado de 25 ml de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 30 volúmenes a las placas con colonias aisladas de cada clon. Para evaluar la competencia en la nodulación, se co-inocularon plantas de soja con la cepa parental y la mutante. El impacto de la mutación sobre la promoción del crecimiento de soja se analizó realizando inoculaciones con la cepa salvaje y la mutante. Cuatro clones de *B. japonicum* E109 tolerantes a H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> fueron identificados, los cuales presentan una marcada actividad catalasa respecto a la cepa parental. Las mutaciones generadas se encontraron en el gen *glxA*, el cual codifica para un probable regulador transcripcional. GlxA se encontraría formando parte de un *cluster* junto a los genes de las enzimas catalasa (*catA*) y fosfato hidrolasa (*yfbR*). Los ensayos de ocupación de nódulos mostraron que la mayoría fueron colonizados por la cepa mutante (>80%). Además, se observaron diferencias significativas en la productividad y en la biomasa de nódulos entre las plantas inoculadas con las cepas E109 y el clon tolerante. En conclusión, a actividad catalasa aumentada de

los clones adquiridos permitiría la detoxificación de los ROS frente a diferentes estreses abióticos, aumentando su capacidad de actuar como endosimbiontes de soja. Además, los resultados de los ensayos *in planta* sugieren que la mutación del gen *g1xA* puede incrementar la promoción del crecimiento vegetal del inoculante E109.

---

### **Desarrollo de portainjertos cítricos transgénicos tolerantes al estrés abiótico.**

Development of transgenic citrus rootstocks for tolerance to abiotic stress.

Castellano Rengel M.S.<sup>1</sup>, Romero L.A.<sup>1</sup>, Ledesma V.A.<sup>1</sup>, Filippone M.P.<sup>2</sup>, Noguera A.S.<sup>1</sup>, Sendín L.N.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del noroeste Argentino (ITANOA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) - Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC). Av. William Cross 3150, CP: T4101XAC, Tucumán. <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán.

\*lorenasendin@gmail.com

Los cítricos constituyen uno de los principales cultivos frutales del mundo con una producción que supera los 320 millones de toneladas por año. Argentina es el 8° productor de limón, con 3,2 millones de toneladas y Tucumán concentra el 73% de la producción lo que pone en evidencia el impacto regional que tiene cualquier factor que afecte al cultivo. El estrés hídrico y salino son dos de los factores más importantes que tienen impacto negativo sobre el crecimiento y desarrollo de los cítricos. En el marco del desarrollo de estrategias de manejo sostenibles para mitigar el impacto de los estreses limitantes para la producción, la obtención de genotipos mejorados genéticamente es una de las medidas más efectivas. En ese sentido, la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens* (*At*), es una herramienta utilizada en numerosos híbridos y especies de cítricos. Por lo antes expuesto, el objetivo de este trabajo es generar portainjertos cítricos transgénicos con mayor tolerancia al estrés abiótico. Para ello se seleccionó un gen que codifica para un factor de transcripción, el cual está íntimamente relacionado con la tolerancia al estrés abiótico. La expresión ectópica de este gen en otras especies como *Arabidopsis*, alfalfa, trigo, maíz y caña de azúcar, confirmó mayor tolerancia al estrés por sequía y salinidad sin penalizaciones en el rendimiento. En este trabajo se construyó un vector de transformación con el plásmido PCAMBIA 2301 al cual se adicionó el gen de interés, bajo el control de un promotor constitutivo fuerte (35SCaMV). Además el plásmido PCAMBIA 2301 lleva el gen de selección *nptII* de resistencia a kanamicina y el gen reportero *gus* que confiere coloración azul al tejido transformado tras una tinción histoquímica. El vector resultante fue introducido en la cepa EHA105 de *At* por electroporación para realizar los experimentos de transformación genética. Como material vegetal se utilizaron segmentos internodales de epicótilo provenientes de plántulas de 6 semanas de edad de un portainjerto generado por la EEAOC. Los explantos fueron inoculados con *At* y cultivados en presencia del agente selectivo. A los 60 días se verificó la expresión del gen reportero *gus* en los brotes regenerados y se observó que la eficiencia de transformación para los explantos transformados con el gen de interés fue de 1,4% y para los del control de transformación (plásmido sin el gen de interés) 1,9%. Actualmente, los brotes regenerados potencialmente transgénicos se encuentran en un medio de enraizamiento hasta obtener una planta transgénica entera. Posteriormente, las plantas serán evaluadas por su tolerancia a sequía y salinidad. La obtención de portainjertos transgénicos con estas características implicaría un avance tecnológico en la industria cítrica ya que sobre estos pueden injertarse diferentes cultivares de limonero no transgénico aumentando las posibilidades de desregular eventos en menos tiempo y mejorando la percepción pública.

---

### **Caracterización de familias de genes desaturasas (OeSAD y OeFAD) en olivo: análisis de expresión en diferentes ambientes de Argentina durante el desarrollo del fruto.**

Characterization of desaturase gene families (OeSAD and OeFAD) in olive: expression analysis in different Argentinian environments during fruit development stages.

Contreras C.\*<sup>1</sup>, Pierantozzi, P.<sup>1</sup>, Maestri D.<sup>2</sup>, Tivani M.<sup>1</sup>, Gentili L.<sup>1</sup>, Mastio V.<sup>1</sup>, Searles P.<sup>3</sup>, Brizuela M.<sup>3</sup>, Fernández F.<sup>4</sup>, Toro A.<sup>5</sup>, Puertas C.<sup>6</sup>, Trentacoste E.<sup>6</sup>, Kiessling J.<sup>7</sup>, Fernandez P.<sup>8</sup>, Moschen S.<sup>9</sup>, Torres M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria San Juan, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), San Juan, Argentina. <sup>2</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV – CONICET - Universidad Nacional de Córdoba), Córdoba, Argentina. <sup>3</sup>Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR, Provincia de La Rioja, UNLaR, SEGEMAR, UNCa, CONICET), La Rioja, Argentina. <sup>4</sup>Estación Experimental Agropecuaria Catamarca, Catamarca, INTA, Argentina. <sup>5</sup>Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul, Misiones, INTA, Argentina. <sup>6</sup>Estación Experimental Agropecuaria Junín, Mendoza, INTA, Argentina. <sup>7</sup>Agencia de Extensión Rural Centenario, Neuquén, INTA, Argentina. <sup>8</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMo – INTA-CONICET), Centro de Investigaciones en Ciencias Agronómicas y Veterinarias, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina, Escuela de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de San Martín, San Martín, Buenos Aires, Argentina, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. <sup>9</sup>Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Tucumán, INTA, CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

\*contreras.cibeles@inta.gob.ar

El proceso que lleva a la síntesis de ácidos grasos insaturados y determina el nivel de ácido oleico en el aceite de oliva comprende la actividad de dos enzimas claves: estearoil-ACP desaturasa (*OeSAD*) y oleil-ACP desaturasa (*OeFAD*). Éstas son las encargadas de introducir dobles enlaces para producir ácidos grasos insaturados y, por lo tanto, desempeñan un papel fundamental en el metabolismo de los lípidos de las plantas. Diversos autores indican que las desaturasas están sujetas a diferentes tipos de regulación y que existen diversos factores que tienen efecto sobre la actividad de las mismas. En este sentido, la temperatura se presenta como uno de los principales factores ambientales que afectan su actividad. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar las secuencias genómicas de las familias *OeSAD* y *OeFAD* en olivo, evaluándose también los niveles de expresión de dichos genes en ambientes de cultivo en Argentina que presentan diferentes regímenes térmicos. El estudio se realizó durante dos ciclos de cultivos (2014-2015; 2015-2016) en tres estadios fenológicos (42, 139 y 173 días posterior a plena floración, DAF) del desarrollo del fruto y en dos cultivares considerados de alta (cv. Arbequina) y baja (cv. Coratina) plasticidad fenotípica. Los ambientes evaluados se definieron teniendo en cuenta la localidad x ciclo de cultivo; de este modo se consideraron siete ambientes: CAT (Catamarca; 2014-2015), LR (La Rioja; 2015-2016), SJ1 (San Juan; 2014-2015), SJ2 (San Juan; 2015-2016), MZA (Mendoza; 2015-2016), NEQ1 (Neuquén; 2014-2015); NEQ2 (Neuquén; 2015-2016). Los frutos fueron recolectados de forma aleatoria, conservados en nitrógeno líquido y posteriormente almacenados a -80°C. Los análisis de expresión relativa se realizaron mediante qPCR, y las cantidades relativas de cada transcrito se calcularon mediante el método  $2^{-\Delta\Delta CT}$ . Se identificaron y caracterizaron las secuencias genómicas completas de tres genes candidatos *OeSAD* y tres *OeFAD* en olivo, confirmando o estableciendo sus posiciones en los cromosomas del olivo. El patrón de expresión de *OeSAD2* para 'Coratina' presentó un incremento en la expresión a los 42 y 139 DAF; mientras que este patrón fue constante a los 173 DAF. Por su parte, 'Arbequina' presentó los máximos niveles a los 139 DAF. La expresión de *OeFAD2-2* fue más alta al inicio del crecimiento de la fruta y la síntesis de aceite, y luego disminuyó. Los elevados niveles de expresión de *OeFAD6*, confirman que este gen desempeña un papel importante en la síntesis de ácidos grasos, pero parece que no está regulado por la temperatura. Los análisis de expresión relativa en los diferentes ambientes sugieren que el régimen térmico ejerce un efecto regulador a nivel transcripcional tanto en los genes *OeSAD2* como en *OeFAD2-2*, y que esta regulación es cultivar dependiente. Nuestros resultados proporcionan, por una parte, información sobre la secuencia, estructura génica y localización cromosómica de los genes candidatos implicados en la síntesis de ácidos grasos. A su vez, la información generada contribuye al establecimiento de nuevos criterios para la selección de sitios de plantación basados en los registros térmicos de cada zona y para la elección de cultivares en función de esta fuente de variabilidad ambiental.

---

## Senescencia foliar en girasol: enfoque sistémico para un evento complejo con impacto en el mejoramiento genético.

Leaf senescence in sunflower: a systemic approach to a complex event with an impact on genetic improvement.

Corzo M.\*<sup>1</sup>, Bengoa Louni S.A.<sup>1</sup>, Trukpin S.<sup>2</sup>, Becheran D.<sup>3</sup>, Alvarez D.<sup>4</sup>, Heinz N.<sup>4</sup>, Moschen S.<sup>5</sup>, Fernandez P.<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>IABIMO- UEDD INTA-CONICET. <sup>2</sup>IF-INTA Castelar. <sup>3</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. <sup>4</sup>EEA-INTA Manfredi. <sup>5</sup>EEA- INTA FAIMASHA.  
\*corzo.melanie@inta.gob.ar

La senescencia es un proceso altamente regulado que se caracteriza por una reducción de la capacidad fotosintética en condiciones específicas de crecimiento. Se trata de un proceso con impacto económico que interviene en la brecha existente entre el rendimiento potencial y el rendimiento real observado a campo en cultivos de girasol, debido a la oportunidad que presentan las plantas en mantener el sistema fotosintético activo durante periodos prolongados. En vistas de generar girasoles que posean una prolongación del tiempo de vida del aparato fotosintético y que este hecho conlleve a una mayor producción de fotoasimilados, reflejándose en un aumento del rendimiento en la producción de semillas y contenido de aceite. El grupo de trabajo ha desarrollado herramientas de genómica funcional integrada (incluyendo datos metabolómicos y transcriptómicos) para estudiar el proceso de senescencia foliar en girasol en dos genotipos pertenecientes al Programa de Mejoramiento de INTA. Dichos estudios identificaron varios genes NAC de girasol que aumentaron su expresión conforme avanzaba la edad de la hoja y que serían putativos ortólogos de miembros que modulan la senescencia foliar en *A. thaliana*. Uno de los candidatos más relevantes identificados en girasol fue *Ha-NAC01*, un putativo ortólogo de *AtORE1*, reportado como regulador positivo de la senescencia foliar en *A. thaliana*. El retraso de la senescencia foliar es una característica buscada por los mejoradores, por lo que el estudio funcional de *Ha-NAC01* en líneas transgénicas de *A. thaliana* es de gran relevancia para determinar su posible función en la senescencia. Se realizaron estudios fenotípicos mediante la captura de imágenes a lo largo del desarrollo de las plantas y ensayos moleculares, donde se evaluó la expresión de genes (*HA-NAC01*, *At-BFN1*, *AtGLK1*, *AtRCA*) asociados al evento de senescencia mediante PCR-tiempo real. A partir de la integración de los datos obtenidos, se observó una correspondencia entre los cambios fisiológicos, fenotípicos y moleculares detectados durante el desarrollo de la hoja. Se determinó que la sobre-expresión de *Ha-NAC01* altera el desarrollo y actúa como un regulador positivo de la senescencia foliar de manera similar a como lo hace *AtORE1* en *A. thaliana*, sugiriendo que *HaNAC01* podría promover la senescencia foliar en girasol. En estudios recientes se ha mostrado que *AtORE1* y la disponibilidad del Nitrógeno en suelo actúan en conjunto en la promoción de la senescencia foliar. Por lo cual nos proponemos evaluar dos líneas de girasol con fenotipos contrastantes para el carácter de senescencia foliar, B481-6 y R453 pertenecientes al Programa de Mejoramiento de INTA, bajo el suministro de nitrógeno con el fin de evidenciar que los genes funcionales putativos asociados a los rasgos no estarían alterados por las condiciones diferenciales del macronutriente. Se validarán mediante ensayos de secuenciación de ARN para confirmar la expresión de genes candidatos, como *Ha-NAC01*, en las líneas de interés.

---

## **Aplicación de nuevas técnicas de mejoramiento y genómicas para el desarrollo de marcadores moleculares de tolerancia a sequía en soja.**

Application of new breeding techniques and genomics to obtain molecular markers for drought tolerant soybean.

Demicheli J.\*<sup>1</sup>, Botto J.F.<sup>2</sup>, Soria M.<sup>3</sup>, Pagano E.A.<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Cátedra de Bioquímica, Facultad de Agronomía, UBA. <sup>2</sup>IFEVA, Facultad de Agronomía, UBA. <sup>3</sup>Cátedra de Microbiología, Facultad de Agronomía, UBA.  
\*jdemicheli@agro.uba.ar

El desarrollo de materiales de soja tolerantes a sequía es primordial dado que este cultivo explora diversos ambientes a lo largo del país y, además, se estima que debido al cambio climático los eventos de sequía se tornarán más frecuentes e intensos. La selección asistida por marcadores moleculares permite acelerar y hacer más eficientes los procesos de selección en programas de mejoramiento. Este trabajo tuvo como objetivo el desarrollo de marcadores moleculares de tolerancia a sequía en soja. Se partió de genotipos con comportamientos contrastantes a la sequía seleccionados del programa de mejoramiento de una semillera nacional. Primero, se caracterizó la respuesta a la sequía de ambos genotipos, y se encontró que el tolerante presentó un menor marchitamiento y una mayor eficiencia del uso del agua producto de una conservación del agua del suelo a través de un cierre parcial estomático a contenidos

hídricos más altos. Luego, se realizó una RNAseq que develó que en el genotipo tolerante aumentó la expresión de genes y vías metabólicas propias de defensa al estrés, como la acumulación de solutos compatibles, procesos de señalización y vía del ABA. Contrariamente, el genotipo susceptible presentó disminuida la expresión de genes involucrados en el metabolismo primario y procesos claves para la homeostasis celular, como la fotosíntesis, degradación de almidón, glucólisis y expansión celular. Finalmente, se buscaron variantes en la secuencia genómica y transcriptómica que estuvieran asociadas a la respuesta del genotipo tolerante. Se construyó un panel de 26 SNPs, distribuidos en 16 genes que cambiaron su expresión en el genotipo tolerante frente a la sequía, entre los cuales hubo inhibidores de proteasas, enzimas de síntesis de solutos compatibles, activadores de la rubisco o con actividad oxidorreductasa. Previo a una validación, estos SNPs podrían utilizarse como marcadores moleculares para seleccionar materiales con una mayor tolerancia a la sequía.

---

### **Transformación genética y edición genómica: Herramientas de ingeniería genética utilizadas para mitigar el efecto de los estreses bióticos y abióticos en el cultivo de la caña de azúcar.**

Genetic transformation and genome editing: genetic engineering tools used to mitigate the effect of biotic and abiotic stresses on sugarcane cultivation.

Enrique R.\*, Budeguer F., Racedo J., Ostengo S., Noguera A.

Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA)-Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC). William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina.

\*ramon.enrique.ar@gmail.com

La caña de azúcar (*Saccharum* spp.) es un cultivo tropical y subtropical de propagación vegetativa que contribuye aproximadamente con el 80% de la producción de azúcar y el 40% de la producción mundial de biocombustibles. La complejidad genética y la baja fertilidad del cultivo en condiciones naturales hacen que el mejoramiento tradicional sea extremadamente laborioso, costoso y lento. La producción de caña de azúcar se ve afectada negativamente por diversos estreses bióticos (enfermedades, plagas y malezas) y abióticos (sequía, salinidad, altas y bajas temperaturas, baja fertilidad del suelo), los cuales reducen los rendimientos del cultivo. Por esta razón, el mejoramiento convencional asistido por la ingeniería genética busca constantemente desarrollar nuevos genotipos con mayores rendimientos de azúcar y biomasa, además de mayor tolerancia al estrés. Entre las herramientas de ingeniería genética disponibles, la transformación genética (TG) y la edición genómica (EG) son las más valiosas. La Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) posee amplia experiencia en el desarrollo de eventos transgénicos de caña de azúcar, siendo su antecedente más relevante el evento TUC 87-3 RG con resistencia a glifosato, el cual está inscripto en INASE y posee dictámenes favorables de CONABIA, SENASA y la Dirección de Mercados para su liberación comercial. En el presente trabajo se propuso la incorporación en caña de azúcar mediante TG, de genes que codifican para proteínas insecticidas que confieren resistencia a *Diatraea saccharalis* y de un gen que codifica para un factor de transcripción que confiere tolerancia a estreses abióticos. Por otro lado, se propuso editar mutaciones en los genes *als* (acetolactato sintasa) mediante la tecnología CRISPR-Cas con el propósito de conferir al cultivo resistencia a herbicidas. Mediante el bombardeo con partículas de oro se introdujeron en callos embriogénicos de una variedad élite de caña de azúcar, tanto los genes mencionados anteriormente para la obtención de las líneas transgénicas, como las ribonucleoproteínas (RNPs) y el ADN de reparación para los experimentos de EG. A través de la TG se pudieron regenerar *in vitro* un gran número de líneas transgénicas con los nuevos caracteres incorporados y cuyos eventos promisorios se encuentran en fase de "prueba de concepto". Por otro lado, mediante EG se obtuvieron líneas editadas *in vitro* que se encuentran en proceso de multiplicación en laboratorio. Como resultado de la utilización de estas dos valiosas herramientas para el mejoramiento de la caña de azúcar, se han generado eventos con ventajas adaptativas que permitirán mitigar el efecto de diferentes estreses. Se espera en un futuro proveer al sector productivo de nuevos materiales de caña de azúcar que posibiliten expandir las fronteras productivas y a su vez disminuir las pérdidas de rendimiento ante los desafíos ambientales.

---

## **Generación de un panel de amplicones para genotipar genes de interés agronómico en una población de mapeo por asociación de girasol.**

Development of an amplicon-based genotyping panel to characterize an association mapping population of sunflower.

Fass M.<sup>1</sup>, Filippi C.<sup>1</sup>, Puebla A.<sup>1</sup>, Guerrero B.E.<sup>1</sup>, Aguilera P.<sup>1</sup>, Alvarez D.<sup>2</sup>, Dominguez M.<sup>3</sup>, Lia V.<sup>1</sup>, Paniego N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), De los Reseros y N. Repetto s/n, B1686IGC Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria Manfredi, INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), Ruta Nacional Nº 9 - Km. 636, X5988 Manfredi, Argentina. <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria), Av. Frondizi Km 4,5, B2700 Pergamino, Argentina.

\*fass.monica@inta.gob.ar

El programa de mejoramiento de girasol del INTA cuenta con una población de mapeo por asociación (PMA) con alta variabilidad alélica para distintas características agronómicas. Esta población es estudiada intensamente para identificar determinantes genéticos de resistencia a enfermedades fúngicas y estrés hídrico. El análisis de la variabilidad genotípica de la población requiere de métodos de genotipado adecuados al tipo de polimorfismo, el propósito y la escala del estudio además de aspectos técnicos y económicos. Entre nuestras necesidades de genotipificación de germoplasma está el análisis de polimorfismos de nucleótido simple (SNP) asociados a caracteres agronómicos mediante estudios de QTL y/o expresión diferencial. Esto nos condujo a investigar el diseño de paneles de baja densidad conocidos como Ampliseq. En este trabajo presentamos el desarrollo de un ensayo de secuenciación de amplicones multiplexado usando el Sistema Access Array de Fluidigm seguido de la secuenciación con un equipo MiSeq de Illumina. Para el ensayo se seleccionaron 48 SNP ligados a regiones o genes asociados a diferentes estreses bióticos. El desempeño del panel se evaluó en 48 individuos de la PMA. El análisis bioinformático consistió en el depurado de lecturas de baja calidad mediante el programa Trimmomatic, seguido del mapeo al genoma de referencia de girasol ([https://plants.ensembl.org/Helianthus\\_annuus/Info/Index](https://plants.ensembl.org/Helianthus_annuus/Info/Index)) con el programa BWA-mem y posterior identificación de variantes con el programa GATK. El número promedio de lecturas mapeadas contra la referencia fue de  $1064 \pm 913$  lecturas, mientras que el rango de lecturas mapeadas fue de 0 a 4934. El número de lecturas tendió a aumentar a concentraciones de ADN de partida superiores. En cuanto a la identificación de variantes, además de los polimorfismos previamente conocidos, se lograron describir hasta 3 polimorfismos nuevos por amplicón, la mayoría de ellos del tipo SNP. El uso de paneles de amplicones personalizados permite detectar con alta confianza SNPs e InDels, requiere un tiempo de análisis y capacidad computacional mínimos y permite generar un conocimiento exhaustivo de genes determinantes para el mejoramiento brindando la posibilidad de definir haplotipos. En este trabajo presentamos aspectos críticos a tener en cuenta para la generación y el análisis de paneles de genes adaptados a necesidades específicas que pueden implementarse de manera eficiente para la evaluación de germoplasma.

---

## **Ampliación de una colección de mutantes de inserción para la detección de genes que confieran tolerancia diferencial a la salinidad en alfalfa**

Enlargement of an insertion mutant collection for the detection of genes that confers differential tolerance to salinity in alfalfa.

Fernández K.<sup>1</sup>, Gómez C.<sup>1</sup>, Ayub N.<sup>1-2</sup>, Soto G.<sup>1-2</sup>, Jozefkowicz C.<sup>1-2\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Ingeniería Genética de Leguminosas, Instituto de Genética (IGEAF) gv IABIMO, INTA, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.

\*jozefkowicz.cintia@inta.gob.ar

La identificación y caracterización de los genes que regulan los mecanismos de tolerancia a salinidad es crucial para impulsar el desarrollo de futuras estrategias de mejoramiento genético en un cultivo de gran importancia económica

a nivel mundial como es la alfalfa, cuyas características de ploidía (tetraploide) y tipo de fertilidad (alógama con fuerte depleción por endocría) no se corresponden con las características de otras especies modelo (tales como soja y *M. truncatula*). Los objetivos del presente trabajo son ampliar una colección de líneas mutantes de *Medicago sativa* (alfalfa) por activación y transposición del retrotransposón *Tnt1*, a partir de líneas transgénicas ( $R_1$ ) que portan el retrotransposón *Tnt1* en clones de alfalfa (clones C2-3 y 423-19-17) que tienen buen comportamiento *in vitro*. A partir de estas líneas transgénicas primarias es posible la generación de una gran colección de mutantes de alfalfa, dado que sabemos que el retrotransposón *Tnt1* se activa y transpone a nuevos sitios del genoma de alfalfa por pasaje por cultivo *in vitro*, tal como fue probado previamente (Jozefkowicz *et al.*, 2021). En una segunda etapa, se realizarán ensayos de salinidad y se seleccionarán las líneas que presenten tolerancia diferencial. Finalmente, se identificarán los genes que participan de la regulación de los mecanismos de tolerancia a salinidad en alfalfa y que hayan sido reprimidos y/o sobre expresados por inserción del *Tnt1*. Una vez confirmada la presencia del retrotransposón *Tnt1* en las plantas transgénicas  $R_1$  que se utilizaron como material de partida, se indujo la activación y transposición del retrotransposón *Tnt1* mediante embriogénesis somática indirecta. Con este fin se seleccionaron los folíolos más jóvenes de dichas plantas, se esterilizaron y se sembraron en medio MS (Murashige y Skoog) de inducción. Los explantos se mantuvieron en MS inducción en oscuridad durante un mes a 25 °C, realizando un repique al mismo medio a los 15 días. Al cabo de un mes, los callos obtenidos se transfirieron a medio MS de regeneración y se mantuvieron en ese medio durante 30 días, obteniéndose a partir de éstos los embriones somáticos que se colocaron en medio MS mitad para enraizamiento. En este medio se realizaron repiques cada 20-30 días hasta obtener plántulas que se rustificaron en tierra. Hasta el momento se han logrado obtener 20 plántulas a las que se les determinará el número de inserciones del retrotransposón *Tnt1* mediante *Inverse* PCR. Posteriormente, se comparará el número de inserciones del retrotransposón *Tnt1* en las líneas transgénicas regeneradas ( $R_2$ ) en relación con las líneas transgénicas que se utilizaron como material de partida ( $R_1$ ). Por último, se realizarán ensayos de salinidad y se identificarán, mediante *Inverse* PCR seguida por secuenciación y análisis bioinformático, los genes que hayan sido reprimidos en su expresión y/o sobreexpresados por inserción del *Tnt1*, en las plantas  $R_2$  que muestren un fenotipo diferencial de tolerancia a salinidad. Como conclusiones, en términos biotecnológicos esta plataforma representa una poderosa herramienta para la identificación de nuevos genes asociados a características agronómicas deseables en alfalfa, como ser una mayor tolerancia a la salinidad.

---

## Regeneración y elongación de tallos *in vitro* de cinco genotipos de *Lotus tenuis*.

In vitro regeneration and stem elongation of five *Lotus tenuis* genotypes.

Gutierrez F.G.<sup>1</sup>, Roldán M.L.<sup>2</sup>, Affinito M.A.<sup>1\*</sup>, Díaz Paleo A.H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Argentina.

<sup>2</sup>EEA INTA Pergamino, Pergamino, Argentina.

\*affinito.agostina@inta.gob.ar

*Lotus tenuis* es una importante forrajera en suelos con limitantes edafoclimáticas. Para favorecer la cría de ganado en los mismos es necesario disponer de cultivares de alta productividad con tolerancia incrementada a estreses abióticos, lo cual puede lograrse con el apoyo de herramientas biotecnológicas. Debido a su genoma diploide, pequeño y cercano a la especie modelo *Lotus japonicus*, *L. tenuis* sería una especie atractiva para implementar la técnica de edición génica. Sin embargo, para poder aplicarla, es necesario contar con protocolos de transformación genética eficientes con altas frecuencias de regeneración y transferencia de ADN. Además de la técnica de transformación propiamente dicha, es necesario optimizar el protocolo de cultivo de tejidos. Se ha demostrado en diversas especies que la regeneración es genotipo-dependiente, por lo que el objetivo de este trabajo fue comparar la capacidad de regeneración y elongación de tallos *in vitro* de genotipos de *L. tenuis* de diversos orígenes: tres provenientes del cultivar Pampa INTA (P1, P2 y PWt), uno del cultivar Esmeralda (E3) y uno proveniente de una familia del programa de mejoramiento genético de INTA Pergamino (2297). Se tomaron 35 folíolos de cada genotipo y se esterilizaron con hipoclorito de sodio 2 g/L durante 5 minutos en flujo laminar. Se realizaron lavados con agua bidestilada estéril y se colocaron en frascos conteniendo medio de regeneración semisólido, compuesto por el medio MS 1X suplementado con las hormonas 6-Bencilaminopurina 4,5 mg/L y Ácido  $\alpha$ -Naftalenacético 93  $\mu$ g/L, solución de vitaminas, anfotericina 1,25 mg/L y agar 3%. Se dispusieron siete frascos por genotipo (cinco folíolos cada uno) en sala de crecimiento utilizando un diseño

completamente aleatorizado y se cultivaron a 24°C con ciclo 16/8 hs luz/oscuridad. Se controló la aparición de yemas semanalmente hasta los 90 días de ensayo para determinar el porcentaje de regeneración. Se realizó ANOVA de dos factores considerando medidas repetidas en el tiempo. Existió interacción entre genotipos y el tiempo de ensayo ( $p < 0,05$ ). A los 90 días, todos los genotipos alcanzaron una regeneración mayor al 85%. Los genotipos que lograron una regeneración superior al 70% en menor tiempo fueron 2297 (42 días) y PWt (49 días). Una vez que el tejido morfogénico derivado del explante presentó un tamaño mayor a 5 mm, se pasó a medio MS 1X para permitir la elongación de tallos. Se registró periódicamente el número de tallos/explante y la altura promedio de los mismos (mm). Estas variables se analizaron mediante la prueba de Kruskal Wallis a los 100 días de iniciado el ensayo y a los 60 días del traspaso del tejido morfogénico a medio MS. A los 100 días de ensayo, PWt presentó mayor número de tallos que los demás genotipos evaluados. También presentó mayor altura, en conjunto con P1. A los 60 días en MS, PWt y P1 presentaron mayor número y altura de tallos. En conclusión, la regeneración y elongación de tallos *in vitro* dependió del genotipo. Se continuará trabajando con el genotipo PWt como fuente de explantes para la optimización de la transformación genética de la especie.

---

### **Transformación genética del genotipo recalcitrante *C. limon* cv. Eureka para incrementar la defensa contra *Xanthomonas citri* subsp. *Citri*.**

Genetic transformation of the recalcitrant genotype *C. limon* cv. Eureka for increased defense against *Xanthomonas citri* subsp. *citri*.

Ledesma V.A.<sup>1</sup>, Romero L.A.<sup>1</sup>, Castellano Rengel M.S.<sup>1</sup>, Noguera A.S.<sup>1</sup>, Enrique R.<sup>1</sup>, Filippone M.P.<sup>2</sup>, Sendín L.N.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) - Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC). Av. William Cross 3150, CP: T4101XAC, Tucumán. <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán.

\*lorenasendin@gmail.com

Los genotipos recalcitrantes son aquellos en los que resulta difícil la regeneración *in vitro* de embriones somáticos y/o de brotes adventicios, lo cual dificulta la aplicación de diferentes estrategias biotecnológicas de mejoramiento como la transgénesis, edición de genoma, multiplicación *in vitro*, etc. El cultivar Eureka de *Citrus limon*, uno de los genotipos más importantes para la citricultura del NOA, es recalcitrante al cultivo de tejidos. Por esta razón, el grupo Citrus de la Sección Biotecnología de la EEAOC, trabaja desde hace años en el estudio de diversos factores implicados en la recalcitrancia. En este sentido, se demostró que la concentración interna de las hormonas auxinas en el cv. Eureka es superior respecto a los genotipos cítricos no-recalcitrantes. A partir de esto se evaluó el efecto producido en la regeneración de *C. limon* al eliminar las hormonas en la etapa de inducción de callo observando un incremento significativo de la regeneración. En base a lo expuesto, el objetivo de este trabajo fue aplicar el protocolo ajustado de regeneración para *C. limon* con el fin de incorporar genes que otorguen características de interés agronómico al cultivo mediante transformación genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens* (At). Para ello, se utilizó una construcción genética generada en nuestro laboratorio, que lleva el gen de resistencia *Bs2* de pimiento el cual demostró disminuir los síntomas de la cancrrosis (*agente causal: Xanthomonas citri* subsp. *citri*, *Xcc*) cuando fue expresado en *Citrus sinensis*. Esta construcción lleva el gen de selección *nptII* que otorga resistencia a kanamicina y el gen reportero *gus* que confiere coloración azul al tejido transformado, tras una tinción histoquímica. Se llevaron a cabo experimentos de transformación utilizando segmentos internodales de epicótilo de plántulas de 6 semanas germinadas *in vitro* los cuales fueron inoculados por inmersión en una suspensión de At portadora del gen *Bs2*. Los explantos se colocaron durante dos días en medio de co-cultivo sin hormonas (Sales MS, Sacarosa 3% y vitaminas) y posteriormente se transfirieron al medio de selección (Sales MS, Sacarosa 3% y vitaminas) adicionado con 3 mg/L de Bencilaminopurina (BAP) y 50 mg/L de Kanamicina. A los 60 días, los brotes regenerados fueron evaluados histoquímicamente por su actividad GUS; solo fueron considerados positivos aquellos brotes que mostraron coloración azul uniforme. Se realizaron tres experimentos con una eficiencia de transformación promedio de 1,35%. La obtención de una planta transgénica de limonero constituye un hito de importancia a nivel nacional y regional, dada la característica recalcitrante para el cultivo *in vitro* de este genotipo cítrico, constituyéndose como la primera planta transgénica de *C. limon* cv. Eureka con un gen de resistencia a enfermedades.

---

## Herramientas biotecnológicas aplicadas al programa de mejoramiento genético de cítricos de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán, Argentina.

Biotechnological approaches applied to citrus genetic improvement program of the Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán, Argentina.

Ledesma, V. L.<sup>1</sup>, Romero A.L.<sup>1</sup>, Castellano M.S.<sup>1</sup>, Figueroa D.<sup>2</sup>, Valdez I.<sup>2</sup>, Salas H.<sup>2</sup>, Noguera A.S.<sup>1</sup>, Sendin L.N.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ITANOVA (EEAOC-CONICET), Av. William Cross 3150, CP: T4101XAC, Tucumán. <sup>2</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres. <sup>3</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán.

\*lorenasendin@gmail.com

En el año 1960, la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres de Tucumán (EEAOC) inició un Programa de Mejoramiento Genético de Cítricos (PMGC) para elevar la rentabilidad de la explotación cítrica. Se generaron cruzamientos por hibridación sexual (método clásico) lo que resultó en la liberación, en el año 2006, de cinco portainjertos híbridos producidos por la EEAOC, los cuales fueron los primeros genotipos cítricos provenientes de un programa de mejoramiento de nuestro país. Actualmente, con el desarrollo de métodos que permiten la manipulación del ADN y el cultivo de tejido *in vitro*, el mejoramiento convencional puede ser asistido con técnicas moleculares que permiten superar ciertas limitaciones del método clásico. En este sentido, la transformación genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens* es una de las herramientas biotecnológicas aplicadas al PMGC de la EEAOC con el fin de introducir caracteres de interés agronómico tanto en copas como portainjertos cítricos. Se optimizaron protocolos para cada uno de los genotipos utilizados, evaluando factores que afectan a la regeneración, selección y recuperación de planta entera tales como: concentración de fitohormonas, tiempo de co-cultivo, concentración de *A. tumefaciens*, etc. Los protocolos obtenidos fueron aplicados para introducir los siguientes genes: 1) gen de resistencia *Bs2* de pimiento en limonero (*Citrus limon* cv. Eureka), el cual demostró otorgar resistencia incrementada a la canchrosis y se obtuvieron 3 líneas transgénicas de *C. limon* las cuales están en etapa de evaluación en condiciones controladas; 2) genes involucrados en la inducción de la respuesta de defensa de amplio espectro en portainjertos producidos por el PMGC de la EEAOC, en cuyo caso se generaron 9 plantas transgénicas putativas las cuales deben ser evaluadas molecularmente para confirmar la presencia del transgen y 3) gen que codifica para un factor de transcripción que otorga tolerancia al estrés abiótico, se obtuvieron brotes transgénicos que se encuentran en etapa de enraizamiento *in vitro*. Otra herramienta que se está incorporando al PMGC de la EEAOC, es el uso de marcadores moleculares para genotipificar y determinar el grado de hibridez y poliembriónia de los híbridos generados por método clásico. Ambas herramientas permitirán incrementar la eficiencia de la obtención de nuevos genotipos adaptados a las necesidades del sector cítrico.

---

## Obtención de bioinoculantes tolerantes a herbicidas para incrementar la productividad y mejorar la inocuidad ambiental de los cultivos de soja.

Obtaining herbicide-tolerant bioinoculants to increase productivity and improve the environmental safety of soybean crops.

Liebrez K.\*<sup>1-2</sup>, Brambilla S.<sup>1-2</sup>, Gomez C.<sup>1</sup>, Soto G.<sup>1-2</sup>, Ayub N.<sup>1-2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Genética Ewald A. Favret, (INTA), Buenos Aires, Argentina; Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CONICET-INTA, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Centro Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina.

\*liebrez.karen@inta.gob.ar

El glifosato es uno de los herbicidas más ampliamente utilizados en los cultivos de soja; su aplicación inhibe una enzima involucrada en la síntesis de los aminoácidos aromáticos afectando la funcionalidad de los rizobios endosimbiontes de soja, disminuyendo la fijación de nitrógeno y, por lo tanto, la productividad de los cultivos. Los objetivos del presente trabajo son identificar mutaciones en *Bradyrhizobium japonicum* E109 que le confieran tolerancia al herbicida glifosato

y evaluar el efecto que tienen sobre la actividad de promoción del crecimiento vegetal en diversas condiciones, contribuyendo a la sustentabilidad económica y ambiental de la producción de soja. La selección de mutantes tolerantes a glifosato se realizó en placas con medio RMM (Tombolini *et al.* 1995), suplementado con 4 mM de herbicida se sembraron 100 µl de un cultivo en fase exponencial de *Bradyrhizobium japonicum* E109. Luego de 20 días de incubación a 28°C se seleccionaron las colonias tolerantes. Las colonias tolerantes fueron cultivadas en medio YEM líquido, se lavaron y sembraron 100 µl en placas con medio RMM y el agregado del herbicida. Transcurridos 20 días se confirmó la tolerancia de las mismas. Los genomas de las cepas mutantes y salvaje se secuenciaron mediante la tecnología Illumina HiSeq1500 y se analizaron con el software Geneious. Se realizaron inoculaciones simples con las cepas mutantes y salvaje para evaluar la eficiencia de simbiosis, utilizando 1ml inóculo/semilla, en condiciones con y sin glifosato. Se determinó de forma visual la presencia de nódulos frente diferentes concentraciones del herbicida. Por otro lado, se analizó la eficiencia de simbiosis mediante la medición de peso seco de nódulos y parte aérea de plantas inoculadas en condiciones de hidroponia. Se obtuvieron como resultado cinco mutantes espontáneas tolerantes a glifosato, nombradas como GR1 a GR5. Todas ellas mostraron mutaciones únicas en los siguientes genes: GR1, *gltI*; GR2: *cya*; GR3: *zigA* y GR4, *betA*. En particular, la cepa GR5 porta una mutación en la subunidad NifH de la nitrogenasa. En los ensayos de eficiencia de FBN, estas cepas mostraron una nodulación más temprana en plantas de soja en presencia del herbicida, respecto a la cepa salvaje. Adicionalmente, GR5 mostró diferencias significativas en ensayos in planta en relación a valores de biomasa de parte aérea y nódulos, respecto a la cepa parental E109 y las demás mutantes. Además, manifestó una actividad citrato sintasa mayor y un tiempo de duplicación menor que su par salvaje. Como conclusión, Los parámetros alterados de GR5 indicarían un metabolismo modificado que lograría evitar el efecto bacteriostático del herbicida, además de beneficiarla respecto a la capacidad de FBN en comparación con las demás mutantes y la cepa salvaje.

---

## Evaluación de un panel de marcadores moleculares SNPs obtenidos por ddRADseq en cinco accesiones de caña de azúcar.

SNPs marker panel assessment obtained by ddRADseq in five sugarcane accessions.

Molina C.\*<sup>1-2</sup>, Aguirre N.C.<sup>3†</sup>, Vera P.A.<sup>3†</sup>, Filippi C.V.<sup>3-4†</sup>, Puebla A.F.<sup>3</sup>, Marcucci Poltri S.N.<sup>2-3</sup>, Acevedo A.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Suelos, Centro de Investigación de Recursos Naturales, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (INTA-CONICET), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. <sup>4</sup>Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. Montevideo, Uruguay.

\*molina.catalina@inta.gob.ar; acevedo.alberto@inta.gob.ar

La caña de azúcar (*Saccharum spp.*) es el cultivo industrial más plantado en Argentina y se utiliza para producir azúcar y bioetanol mediante la fermentación de jugos o melazas. Cuenta con un genoma de gran complejidad (poliploide, aneuploide y tamaño ~ 10 Gb). El interés para su uso bioenergético ha crecido recientemente debido a su alta producción de biomasa. Las técnicas de genotipificación de genoma completo permiten identificar y genotipar simultáneamente miles de loci distribuidos por todo el genoma. El objetivo de este trabajo fue evaluar un panel de marcadores moleculares de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) desarrollado con la metodología ddRADseq (secuenciación de ADN asociada a la restricción por dos enzimas de digestión) en cinco accesiones de caña de azúcar. La hipótesis de trabajo es que los paneles de SNPs desarrollados por ddRADseq permiten caracterizar las relaciones genéticas entre accesiones de caña de azúcar estudiadas. Para este estudio se seleccionaron cinco accesiones de caña de azúcar: cuatro cultivares comerciales (NA 78-724, LCP 85-384, HOCP 92-665 y NA 56-30), y un biotipo de alta fibra (INTA 05-3116). Para la detección de SNPs se aplicó un protocolo de secuenciación parcial de ddRADseq (PstI-Mbol). Se utilizó un secuenciador Illumina Novaseq6000 (150pb paired-end, ~10M lecturas/individuo). Para el llamado de variantes se utilizó un genoma de referencia de la caña de azúcar (cv R570) alineado con Bowtie2 y el paquete Stacks. Luego, se aplicaron filtros (calidad, profundidad de lectura entre 56x-200x, frecuencia de alelo minoritario de 0,1, y loci sin datos perdidos). Para evaluar las relaciones entre las muestras, se calcularon las distancias genéticas a través del método de alelos compartidos. Las mismas se calcularon con el software estadístico R. Se realizó un análisis de componentes principales (PCA) sobre los paneles con el software Tassel y se graficó en R. Las distancias genéticas

entre los cultivares comerciales fueron de  $\sim 0,4$ , mientras que con el INTA 05-3116 (biotipo de alta fibra) cada uno presentó un coeficiente  $\sim 0,5$ . Además, el PCA permitió visualizar la variabilidad de los genotipos en dos componentes principales (PC). Este análisis explicó el 56% de la varianza total. El PC1 contribuyó al 32% de la varianza total y permitió distinguir dos grupos. El grupo 1 estaba compuesto por el INTA 05-3116, mientras que el grupo 2 estaba compuesto por los cuatro cultivares comerciales. El segundo componente (PC2) representó el 24% de la varianza total, separando NA 56-30 y HOCP 92-665 (cuadrante superior izquierdo) de NA 78-724 y LCP 85-384 (cuadrante inferior izquierdo). Las comparaciones mediante dos análisis multivariados, mostraron relaciones más estrechas entre los híbridos comerciales que con el biotipo de alta fibra, probablemente debido a sus antecedentes genéticos diferenciales. NA 56-30 y HOCP 95-665 mostraron la menor distancia genética entre las muestras ensayadas, mismo resultado que se había conseguido en estudios previos.

---

## Aislamiento y caracterización del promotor tejido-específico del gen *Snakin-3* de papa.

Isolation and characterization of the tissue-specific *Snakin-3* promoter from potato.

Nahirñak V.\*<sup>1-2</sup>, Almasia N. I.<sup>1-2</sup>, Vazquez-Rovere C.<sup>1-2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, INTA, Argentina. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

\*nahirnak.vanesa@inta.gob.ar

Los péptidos antimicrobianos (AMPs) se caracterizan por presentar un amplio espectro de actividad antimicrobiana y ser eficaces a bajas concentraciones. Las proteínas Snakin/GASA son AMPs que han sido identificadas en un gran número de especies de plantas, aunque sus funciones no se conocen completamente. Se ha descrito su participación en diversos aspectos del desarrollo y tolerancia a estreses bióticos o abióticos. En papa se identificaron 18 genes de la familia Snakin/GASA. El análisis filogenético reveló que estas proteínas forman tres grupos siendo Snakin-1, Snakin-2 y Snakin-3 miembros de diferentes subfamilias. Hasta el momento, se han caracterizado funcionalmente *Snakin-1* y *Snakin-2*. A partir del estudio funcional de *Snakin-1* nuestro grupo demostró su actividad *in vivo* frente a *Rhizoctonia solani* y *Erwinia caratovora*. Asimismo, demostramos que este péptido tiene un rol dual tanto en defensa como en desarrollo. Por otro lado, observamos que los extractos crudos obtenidos a partir de líneas sobreexpresantes de *Snakin-2* presentan actividad antifúngica frente a *Fusarium solani* y *Rhizoctonia solani*. Con respecto a *Snakin-3*, los datos obtenidos hasta la fecha muestran una regulación diferencial de la expresión con respecto a *Snakin-1* y *Snakin-2*, lo cual puede sugerir una diferenciación funcional. Por otro lado, se ha demostrado que la acción combinada de más de un péptido antimicrobiano puede tener un efecto aditivo o incluso mostrar sinergismo. En este sentido, es probable que la expresión de *Snakin-3* en combinación con otro péptido antimicrobiano permita obtener resistencia contra múltiples patógenos. Con el objetivo de profundizar la caracterización funcional de los genes Snakin/GASA, nos propusimos estudiar el rol de un miembro de la 3ª subfamilia (*Snakin-3*) en el desarrollo y respuestas de la planta frente a diversos estreses. El uso de promotores tejido-específicos y el conocimiento de sus requerimientos particulares, permiten una expresión temporal y espacial específica de genes de interés agronómico. Con el fin de caracterizar la región situada río arriba del gen *Snakin-3* y profundizar el estudio de su patrón de expresión, se obtuvieron líneas transgénicas de papa con los vectores pKGWFS7-PromotorSN3 y pKGWFS7-35S. Se evaluó la expresión temporal y espacial de la proteína reportera y su respuesta frente a factores bióticos/abióticos mediante tinciones y/o mediciones cuantitativas de la actividad GUS. Los resultados obtenidos mostraron que en las líneas transgénicas para el promotor de *Snakin-3* la proteína reportera fue detectada principalmente en las raíces y en el tejido vascular del tallo. Por otro lado, con respecto al estudio de la expresión frente a distintos tratamientos, pudimos registrar una marcada inducción de la proteína reportera frente a las bacterias *Erwinia caratovora* y *Pseudomonas syringae* y una disminución de la misma cuando las plantas fueron tratadas con ácido salicílico. En conclusión, la secuencia aislada río arriba de *Snakin-3* conservaría los principales sitios de reconocimiento de los factores de transcripción involucrados en la expresión espacial del gen, acorde a lo reportado previamente por nuestro grupo, y asimismo presenta sitios regulatorios que inducen o reprimen la expresión.

## Herramientas biotecnológicas aplicadas en el mejoramiento genético de la caña de azúcar.

Biotechnological tools applied in the sugarcane breeding program.

Perera M.F.<sup>1</sup>, Racedo J.\*<sup>1</sup>, Rossi E.A.<sup>2-3</sup>, Chaves S.<sup>1</sup>, Aybar Guchea M.<sup>4</sup>, Ostengo S.<sup>1-4</sup>, Noguera A.S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). CCT CONICET NOA sur. Av. William Cross 3150, T4101XAC, Tucumán, República Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Argentina. <sup>3</sup>Fac. Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina. <sup>4</sup> Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC). Tucumán, República Argentina.

\*josefinaracedo@eeaoc.org.ar

El mejoramiento genético de la caña de azúcar es un proceso laborioso y lento, que toma entre 10 y 15 años de intensas evaluaciones para la obtención de un nuevo cultivar. Diversas herramientas biotecnológicas aplicadas en determinadas etapas del programa de mejora permiten hacer más eficiente el proceso, ya que aportan precisión y/o disminuyen el tiempo requerido para avanzar al siguiente nivel del proceso. El programa de mejoramiento genético de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres ha incorporado exitosamente la utilización de marcadores moleculares con diferentes finalidades: determinación de la diversidad genética del banco de germoplasma, identificación de marcadores ligados a características de rendimiento y resistencia a enfermedades, certificación de pureza genética y para el diagnóstico molecular de enfermedades. Recientemente se ha abordado la implementación de selección genómica evaluando la eficiencia de diferentes modelos con y sin selección de marcadores mediante mapeo de asociación. En relación al cultivo de tejido, la técnica de micropropagación permite proveer al sistema productivo de plantines saneados y de pureza genética garantizada. Para ello, en las etapas finales de evaluación a campo del esquema de mejoramiento, los clones promisorios son introducidos al cultivo *in vitro* de meristemas a fin de establecer lotes semilleros de plantines saneados con la finalidad de proveer material de alta calidad a los productores cañeros, una vez que la variedad sea liberada comercialmente. El desarrollo y la incorporación de “nuevas tecnologías de mejoramiento” en un esquema de mejora tradicional es un gran desafío y en este caso han sido implementadas de manera efectiva para el mejoramiento de caña de azúcar.

---

## Identificación de isoformas génicas en respuesta a condiciones de sequía en *Setaria italica* y desarrollo de una plataforma de transformación genética para evaluación de estrategias biotecnológicas.

Identification of gene isoforms in response to drought conditions in *Setaria italica* and development of a genetic transformation platform for biotechnology strategies evaluation.

Pereyra Ghidela L.\*<sup>1</sup>, Olivari F.<sup>1</sup>, Rey M.<sup>2</sup>, Fuentes Suguiyama V.<sup>3</sup>, Arellano S.<sup>1</sup>, Theo V.<sup>3</sup>, Rossi M.<sup>4</sup>, Bellora N.<sup>2</sup>, de Setta N.<sup>3</sup>, del Vas M.<sup>1</sup>, Bermudez L.<sup>1-5</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVYA, INTA-CONICET, Hurlingham, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de tecnologías nucleares para la salud (INTECNUS), CONICET, Bariloche, Argentina. <sup>3</sup>Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brazil. <sup>4</sup>Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brazil. <sup>5</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

\*pereyra.lourdes@inta.gob.ar

La quema de combustibles fósiles ha generado un aumento significativo en las concentraciones de CO<sub>2</sub> en el mundo contribuyendo al calentamiento global, por lo que existe una necesidad inminente de explorar fuentes de energía sustentables como son los biocombustibles. En este marco, los sistemas agrícolas se enfrentan a las consecuencias del cambio climático que involucran a altas temperaturas y estrés por sequía, los cuales son algunas de las principales limitantes para el crecimiento de las plantas generando fuertes pérdidas en el rendimiento. Debido a su naturaleza sésil, las plantas poseen diversos mecanismos que les permiten generar un alto grado de plasticidad en el desarrollo y crecimiento bajo estas cambiantes condiciones ambientales. El splicing alternativo (AS) es uno de estos mecanismos, que permite generar múltiples transcritos a partir de un mismo gen, es un modulador muy importante de la expresión

génica ya que permite aumentar la diversidad del transcriptoma y del proteoma, y a su vez regular los niveles de ARNm. En este trabajo, plantas de *Setaria italica* fueron sometidas a diversos tipos de estrés por sequía (0%, 30% y 100% de riego), en los que se analizó la altura, peso de la planta y número de hojas. Se obtuvo el perfil transcripcional y se identificaron los genes que presentaron AS utilizando los programas RMats y SUPPA2. En total se detectaron 68 y 82 genes, que presentaron diferentes isoformas génicas bajo condiciones de estrés moderado y severo, respectivamente, comparado con el control. Por otro lado, visualizando el análisis funcional de las isoformas de AS más interesantes, presentamos el desarrollo de una plataforma modelo que permitirá la evaluación de la efectividad de distintas estrategias biotecnológicas utilizando como modelo a la especie *Setaria viridis*. Para esto, se diseñaron y obtuvieron vectores de tecnología Gateway que permiten la transformación de *Setaria* y dan lugar a la expresión constitutiva de proteínas de interés, tanto en el floema como de manera ubicua. Se realizaron 15 ensayos de transformación y se obtuvieron 32 líneas regenerantes en medio selectivo, las que están siendo caracterizadas molecularmente. En este sentido, los resultados obtenidos en la identificación de isoformas génicas en condiciones de sequía sumado a la creación de una plataforma para su evaluación funcional y otras estrategias biotecnológicas, servirán para trasladarlos a otras especies de tipo C4 y generar cultivos bioenergéticos tolerantes a condiciones de sequía.

---

## Utilización de marcadores moleculares para el desarrollo de nuevos genotipos de soja.

Use of molecular markers for the development of new soybean genotypes.

Rocha C.M.L.\*<sup>1</sup>, García G.<sup>1</sup>, Chiesa M.A.<sup>2</sup>, Devan M. R.<sup>1</sup>, Castagnaro A.P.<sup>1</sup>, Pardo E.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres – ITANOVA (EEAOC-CONICET), Av. William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencia Agrarias de Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina.

\*crocha@eeaoc.org.ar

La producción de soja en el Noroeste Argentino (NOA) enfrenta factores climáticos adversos, enfermedades y plagas. Entre estos, tres enfermedades de origen fúngico, Síndrome de la Muerte Súbita (SMS), Cancro del Tallo de la Soja (CTS) y Mancha Ojo de Rana (MOR), constituyen uno de los grandes desafíos para el mejoramiento genético y desarrollo de variedades ya que afectan significativamente el rendimiento del cultivo. En este contexto, el uso de cultivares resistentes sería una alternativa de control económica, segura, eficiente y sustentable, pero hasta la fecha no existen cultivares comerciales con resistencia a las tres enfermedades. El Programa de Mejoramiento Genético de la Soja (PMGS) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) desarrolla variedades de soja adaptadas al NOA de pureza genética garantizada, mayor rendimiento y resistencia a factores bióticos y abióticos. Este proceso dura aproximadamente siete años y está basado en principios genéticos clásicos de selección fenotípica. Sin embargo, puede acelerarse con la implementación de una técnica llamada Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM). El objetivo de este trabajo fue identificar en el Banco de Germoplasma (BG) de la EEAOC, genotipos portadores de los genes de resistencia a las enfermedades MOR, CTS y SMS y apilar a través de retrocruza asistida por marcadores moleculares microsatélites (MMSSR) los genes y QTLs de resistencia en un único genotipo de alto potencial. Para ello, en una primera etapa, se identificaron los genotipos del BG de soja de la EEAOC portadores de las resistencias mediante la genotipificación con los MM-SSR Satt214, Satt270, Satt163, Satt570 ligados a *QTL<sub>SMS</sub>* (resistencia a SMS); Sat\_162 ligado al gen *Rdm4* (resistencia a CTS) y Satt244 ligado al *Rsc3* (resistencia a MOR). Identificadas las fuentes de resistencia, se realizaron cruzamientos y retrocruzamientos (RC) para apilar las mismas en un solo genotipo. El cruzamiento inicial se llevó a cabo usando el cv Forrest como parental donante (PD) de la resistencia a SMS y el cv A8100 como parental recurrente (PR), con resistencia a CTS, MOR y fondo genético de alto potencial. Las plantas que resultaron positivas (híbridas) se cruzaron nuevamente con el PR, obteniéndose plantas RC1F1 (RC1). En un nuevo ciclo, las plantas positivas para los MM se cruzaron nuevamente con el PR obteniéndose la RC2F1 (RC2). Estas fueron analizadas con los SSR ligados los genes de interés y con 38 MM-SSR distribuidos en distintos grupos de ligamiento para recuperar el fondo genético de alto potencial del PR. Finalmente, se obtuvieron varias líneas con MM apilados que están asociados a las regiones que confieren resistencia a MOR, CTS y SMS con fondos genéticos de alta similitud con el PR. Con esta metodología se logró la obtención de líneas de soja que representan un material tecnológico de gran valor, se redujo el tiempo y cantidad de plantas en cada generación, llevando a cabo una selección molecular sin necesidad de selección fenotípica.

---

## Entendiendo la asociación fenotipo-genotipo del uso eficiente de nitrógeno en caña de azúcar.

Understanding genotype-phenotype associations of nitrogen use efficiency in sugarcane

Saavedra-Díaz C.\*<sup>1-2</sup>, Arley Jaimes H.<sup>1</sup>, Londoño A.<sup>1</sup>, Trujillo-Montenegro J.H.<sup>1</sup>, López J.<sup>1</sup>, Muñoz F.<sup>1</sup>, Segura G.<sup>1</sup>, Riascos J.J.<sup>1</sup>, Aguilar F.S.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación de la Caña de Azúcar de Colombia (CENICAÑA), Cali, Colombia. <sup>2</sup>Pontificia Universidad Javeriana, Cali, Colombia.

\*csaavedra@cenicana.org

La eficiencia de utilización del fertilizante nitrogenado en variedades comerciales de caña de azúcar a nivel mundial presenta un porcentaje de entre 12 y 40% dependiendo de las condiciones climáticas y edáficas. En Colombia, dadas las exigencias nutricionales del cultivo de caña y los contenidos medianos de materia orgánica de los suelos en la región azucarera, es necesario el uso de fertilizantes nitrogenados para mejorar la productividad del cultivo. Por lo anterior, el programa de fitomejoramiento de CENICAÑA ha buscado hacer más eficiente su proceso de selección al incorporar el uso de marcadores moleculares en el esquema. Este estudio tuvo como objetivo seleccionar un set de marcadores tipo SNPs asociados con el uso eficiente de nitrógeno (UEN) e identificar genes candidatos involucrados con esta característica. Para tal fin, se seleccionó una población diversa de 200 variedades de caña de azúcar. Estas variedades fueron sembradas en hidroponía con 4 mM de NH<sub>4</sub>NO<sub>3</sub>. A los tres meses después de la siembra se cosechó toda la biomasa aérea y se determinó el peso fresco y seco de cada variedad. Posteriormente mediante espectroscopia de infrarrojo (NIR) se determinó la concentración de nitrógeno. El UEN se calculó como la proporción entre el peso seco y el contenido de Nitrógeno de la biomasa aérea. La información genotípica se obtuvo mediante secuenciación de genoma completo. Estos datos fueron mapeados al genoma de referencia de la caña de azúcar CC 01-1940, identificando un total de 30444 SNPs. Los análisis de GWAS se realizaron usando el paquete GWASPoly. Se analizaron 12 modelos genéticos incluyendo el modelo general, aditivo, y los dominantes desde 1 hasta 5 alelos de referencia y alternativos. De los 200 genotipos evaluados, cuatro (S41, S94, S26 y S127) fueron muy eficientes en el uso del nitrógeno. La variedad S94 corresponde a un genotipo ampliamente utilizado como parental en el programa de fitomejoramiento de CENICAÑA, mientras los otros tres son variedades liberadas antes de la década de los 90s. Después del análisis de GWAS se encontraron tres marcadores Chr10\_31273858, Chr2\_47401519, y Contig\_46917\_16774 asociados con el UEN. Estos marcadores explicaron entre el 8,22 y 14,07% de la variación fenotípica observada para el UEN. La búsqueda de genes candidatos en una ventana de 500 Kbp de cada marcador. Para el marcador Chr10\_31273858 se encontraron 41 genes con función definida, dentro de los cuales sobresale el gen Auxin-responsive protein SAUR72, un gen de respuesta a auxinas primarias. SAUR72 se expresa principalmente en hipocotilos en crecimiento desempeñando un papel crucial en la regulación del alargamiento celular. En cuanto al marcador Chr 2\_47401519 se encontraron 80 genes, destacando el gen Scarecrow-like protein 9 (SCL9), miembro de la familia de proteínas reguladoras GRAS. Estas proteínas son actores importantes en la señalización de giberelinas (GA), las cuales regulan varios aspectos del crecimiento y desarrollo de las plantas. Finalmente, estos resultados apoyarán el programa de fitomejoramiento de CENICAÑA para reducir la aplicación de fertilizantes nitrogenados y a la par ser más amigables ambientalmente.

---

## Factores de transcripción asociados al endulzamiento inducido por frío en papas nativas del noroeste argentino

Transcription factors associated with cold induced sweetening in native potatoes from Northwestern Argentina.

Sucar S.\*<sup>1</sup>, Massa G.A.<sup>1-2-3</sup>, Carboni M.F.<sup>3</sup>, Rey M.F.<sup>1-2</sup>, Divito S.B.<sup>1</sup>, Feingold S.E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Agrobiotecnología, IPADS (INTA - CONICET), Balcarce, Argentina. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Argentina. <sup>3</sup>CONICET, Argentina.

El endulzamiento inducido por frío (CIS, por sus siglas en inglés) se produce como consecuencia del habitual almacenamiento a bajas temperaturas de los tubérculos cosechados, para prevenir el brotado, reducir la pérdida de agua y la transmisión de enfermedades. Contribuye a mantener la calidad, pero constituye a la vez el principal problema de la industria procesadora, ya que induce la acumulación de azúcares reductores (AR). Ha sido correlacionado con el incremento de la actividad de invertasas y otras enzimas que degradan almidón. Es de interés identificar nuevos genes involucrados en este proceso dado que los AR impactan negativamente en la calidad de chips y bastones de papa, provocando la acumulación de compuestos tóxicos, como la acrilamida y otorgando sabor amargo y color oscuro a las papas procesadas. Las papas andinas del noroeste argentino, *Solanum tuberosum* grupo Andigena, han sido descritas como las más diversas entre las especies de papa cultivada, constituyendo entonces, un buen punto de partida para la búsqueda de variedades con baja concentración de AR. Con el objetivo de identificar nuevas regiones genómicas asociadas a CIS, efectuamos mapeo por asociación por modelo lineal mixto utilizando 5035 marcadores DArTseq altamente reproducibles y dispersos por todo el genoma, en un panel de 111 genotipos de papa andina y 3 variedades comerciales (*S. tuberosum* grupo Tuberosum), durante tres ensayos consecutivos en la EEA-Abrapampa-INTA-Jujuy. Evaluamos la concentración de AR y el color de los chips mediante colorimetría y carta de colores. Encontramos genes de factores de transcripción (FT) altamente asociados en cada uno de los 12 cromosomas del genoma de papa. Efectuamos una caracterización funcional de esas 49 proteínas utilizando la base de datos PROSITE (EXPASY), para identificar FT potencialmente relacionados a CIS. Identificamos 21 FT potencialmente relacionados a CIS en los cromosomas 1, 2, 4, 5, 6, 7, 8, 10 y 11 que se asocian al color de chips y al contenido de AR luego del almacenamiento en frío en todos los años ( $p < 0,05$ ). Luego avanzamos sobre la identificación de sitios de reconocimiento de dichos FT en regiones río-arriba de genes de invertasas. A partir de la versión 6.1 del genoma de papa (*Solanum tuberosum* Grupo Phureja DM1-3v6.1) obtenida de la base de datos SpudDB, estudiamos en detalle la región río-arriba de los genes de invertasas y evaluamos la presencia de elementos regulatorios con la base de datos PLACE. Todas las secuencias conservadas de los sitios de reconocimiento de ADN de los FT estudiados han sido encontradas en las regiones río-arriba de los genes de las invertasas InvVac, InvGE, InvGF e InvCD111, con excepción del sitio de reconocimiento del FT14, el 24, 30 y 35 que sólo se encontró en la región río arriba a la InvVac, el de los FT22 y 46 que se encontró únicamente en la región río-arriba de InvGF y los correspondientes de los FT20 y 39, que sólo estuvieron presentes en las regiones río-arriba de las Invertasas InvGE e InvGF. Este trabajo sienta las bases para la futura caracterización funcional de los FT encontrados.

# Herramientas de fenotipado de alto caudal aplicadas al mejoramiento genético



## Metafenómica de la respuesta de los ácidos grasos del aceite a la temperatura.

Metaphenomics of oil fatty acid response to temperature.

Alberio C.<sup>1</sup>, Aguirrezábal L.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (IIDEAGROS). <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata – CONICET (IIDEAGROS).

\*calberio@mdp.edu.ar

El cambio climático impacta sobre el rendimiento y la calidad del producto. La temperatura es uno de los factores que más es modificado por este proceso global. Conocer el impacto de la temperatura sobre la calidad de los aceites y su interacción con el genotipo es crucial para el mejoramiento genético. Los modelos que explican la respuesta de los ácidos grasos a la temperatura se aplican en general a una sola o pocas especies y/o genotipos, cultivados en un rango limitado de temperaturas. Pocos de ellos consideran genotipos portadores de mutaciones en genes directamente involucrados en la ruta de síntesis de ácidos grasos (por ejemplo, mutaciones alto oleico, bajo linoléico, alto esteárico). No se han desarrollado previamente modelos generales de respuesta de la calidad del aceite a la temperatura, aplicables a un gran número de especies y/o genotipos. Esto se debe probablemente porque fenotipar experimentalmente estas respuestas en distintas especies y genotipos en una misma condición ambiental, es extremadamente costoso y laborioso, y, en algunos casos, imposible (ejemplo, fenotipar conjuntamente árboles, arbustos, herbáceas, etc). Por ello, la metafenómica es una herramienta útil para predecir el fenotipo (ej. la composición ácida) en una amplia variedad de escenarios ambientales. El objetivo de este trabajo fue investigar la respuesta de los ácidos grasos del aceite a la temperatura en un conjunto de especies y evaluar el efecto de la presencia de mutaciones específicas (asociadas a la calidad) sobre la misma respuesta. Se creó una amplia base de datos para extraer información sobre las respuestas de los principales ácidos grasos a la temperatura mínima ( $T_{min}$ ) durante la etapa reproductiva para girasol, colza, soja y maíz. Todas las especies seleccionadas incluían genotipos tradicionales (T) y alto oleico (AO). Se encontraron respuestas comunes de los principales ácidos grasos a la temperatura considerando el conjunto de genotipos y especies. Los ácidos grasos insaturados se vieron más afectados por las variaciones en  $T_{min}$  que los ácidos grasos saturados. La respuesta fenotípica del ácido oleico a la temperatura disminuyó significativamente en los genotipos AO, mientras que la respuesta se incrementó para los ácidos grasos poliinsaturados y no varió para los ácidos grasos saturados. Los genotipos portadores de otras mutaciones (alto esteárico, alto linoleico) se comportaron como T sin afectar las respuestas generales de ácidos grasos. Las mutaciones que aumentan el ácido oleico y redujeron el ácido linoleico tampoco afectaron la respuesta de los ácidos grasos sintetizados aguas arriba, independientemente de la temperatura. Estos resultados muestran que la variación intra e inter-específica reportada previamente para una especie del contenido de un ácido graso no afecta a la respuesta global de los ácidos grasos a la temperatura. Estos modelos generales fueron aplicados a otras especies diferentes de las utilizadas para establecerlos. El conjunto de especies estudiado difiere ampliamente en la arquitectura de la parte aérea, fisiología, estación de crecimiento, requerimientos fototérmicos, etc, lo que demuestra el amplio dominio de validez de los modelos establecidos. La aplicación de los resultados de este estudio permitiría tener un conocimiento previo del fenotipo (composición de ácidos grasos) en un amplio rango de genotipos en cualquier ambiente térmico. Esto es útil para diseñar estrategias para desarrollar calidades mejoradas de aceites en diversas especies y genotipos.

---

## Desarrollo de algoritmos para el cálculo del área foliar e índice de senescencia en plantas de girasol, a partir de imágenes tomadas con celulares en ensayos a campo.

Pipelines for the calculation of leaf area and crop senesce index from images taken in the field with cellphones.

Bengoia Luoni S.A.<sup>1</sup>, Corzo M.<sup>1</sup>, Gonzalez S.<sup>1</sup>, Izquierdo N.<sup>2</sup>, Fernandez P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>INTA-Castelar. <sup>2</sup>INTA- Balcarce.

\*corzo.melanie@inta.gob.ar

La senescencia foliar es un mecanismo complejo controlado por múltiples variables genéticas y ambientales que condicionan el rendimiento de los cultivos. La senescencia es el último estadio del desarrollo, que se caracteriza por una declinación de la actividad fotosintética, una activa degeneración de las estructuras celulares, el reciclado de nutrientes, y en última instancia, la muerte celular. El proceso de senescencia en girasol tiene un importante impacto económico que interviene en la brecha existente entre el rendimiento potencial y el rendimiento real observado, en todas las regiones productoras. De esta manera, la senescencia foliar se vuelve un carácter fenotípico de interés para el cultivo de girasol ya que puede ser utilizado tanto para estimar el rendimiento potencial, además de como parámetro visual de la sanidad del cultivo en curso con un enfoque de agricultura de precisión. Si bien las herramientas de biología molecular disponibles para el mejoramiento genético y el análisis de procesos complejos como la senescencia foliar han avanzado notablemente en los últimos años llegando a caracterizar cientos de marcadores moleculares en un corto tiempo, el fenotipado de las plantas aún es manual y laborioso. La senescencia foliar se estima manualmente recorriendo el campo y contando el número de hojas senescentes de cada planta a diferentes periodos de tiempo para evaluar la curva de senescencia del cultivo y finalmente asociarla al rendimiento. Sin embargo, el número de hojas senescentes se calcula a partir del análisis visual de cada hoja, determinando que una hoja senescente tiene un 50% o más de clorosis. Este análisis manual es laborioso y subjetivo, por lo que deben realizarse nuevas metodologías que aumenten la capacidad y disminuyan el tiempo requerido. En este trabajo se presenta una lista de funciones escritas en lenguaje Python para la extracción de dos importantes parámetros morfofisiológicos: el área foliar y el índice de senescencia. Para ello se llevaron a cabo dos experimentos, uno en el INTA de Castelar y otro en el INTA de Balcarce, con dos genotipos de girasol pertenecientes al programa de mejoramiento de girasol del INTA. Entre ambos experimentos 500 plantas fueron sembradas. Estas dos líneas presentan un fenotipo de senescencia contrastante que pudo ser corroborado con la medición semiautomática del CSI “Crop Senescence Index” mediante el análisis de imágenes tomadas a campo con teléfonos celulares y analizadas con las funciones de Python propuestas. Esta metodología automatiza la medición de senescencia y homogeniza los resultados, teniendo en cuenta que las mediciones hasta el momento se realizan meramente de manera visual asignando un porcentaje de clorosis subjetivo al observador.

---

## **Selección de genotipos híbridos de *Urochloa* interespecífico con el sistema sensorial multi-paramétrico Crop Circle Phenom.**

Selection of hybrid genotypes of *Urochloa* interespecific with Multi-Parameter Crop Circle Phenom Sensing System

Camelo R.\*, Aparicio J., Hernández L., Cardoso J., Jauregui R.

International Center for Tropical Agriculture (CIAT), Americas Hub, Palmira, Colombia

\*r.camelo@cgiar.org

La selección precisa y no destructiva de genotipos promisorios que permita optimizar recursos es importante para el éxito de un programa de mejoramiento genético. Para este propósito, se han utilizado varios sensores de dosel activo (ACS) con dos o tres bandas de onda espectrales. El sensor Crop Circle Phenom es un nuevo sistema ACS proximal multiparámetro integrado para la fenómica de las plantas con la capacidad de medir la reflectancia, los atributos estructurales y climáticos. En el caso de *Urochloa* interespecífico, en 11 ciclos de selección obtenidos en CIAT durante 26 años se buscó mejorar la adaptación a suelos ácidos y resistencia a salivazo, pero se desconoce el comportamiento en cuanto a calidad nutricional. El objetivo de este estudio fue evaluar este sistema multiparamétrico en *Urochloa* interespecífico para caracteres de calidad nutricional en un ensayo de prueba de poblaciones provenientes de diferentes ciclos de mejoramiento conocido como ERA trial. En un experimento en campo realizado en el centro de investigación CIAT, Palmira durante el 2022 se evaluaron en 150 accesiones con dos repeticiones los índices derivados del sensor incluyendo índice de vegetación de diferencia normalizada (NDVI), borde rojo de diferencia normalizada (NDRE), contenido estimado de clorofila del dosel (CCCI), índice de área foliar estimado (eLAI), índice de proporción de vegetación (RVI), índice de contenido de clorofila del dosel (CCCI), radiación fotosintéticamente activa fraccional

(fPAR) y diferencia de temperatura del aire y del dosel (DTemp) con el sensor Crop Circle Phenom. Estas evaluaciones se realizaron durante dos cortes de 6 semanas cada uno. Los resultados indicaron que al relacionar dos variables asociadas a la calidad nutricional como NDVI y CCCI, se encontró un valor de correlación de 0,63, indicando una leve relación entre variables, por lo que se puede pensar en dos parámetros independientes para usar como criterio de selección. Al calcular los BLUPs de NDVI y CCCI, los genotipos Br05:01435 BR15:08887 se encontraban en ambas variables dentro de los 10 genotipos con valores más altos de cada variable con 0,88 – 5,09 y 0,88 – 5,18 respectivamente, ubicándolos como materiales promisorios. La implementación de los parámetros del sensor Crop Circle Phenom parece ser una estrategia prometedora para la selección de genotipos en un programa de mejoramiento de *Urochloa* interespecífico. Sin embargo, se necesitan más estudios para evaluar más a fondo este nuevo sistema de detección integrado en diversas condiciones y compararlo con otros sistemas de medición como la fotogrametría por drones.

---

## **Selección de híbridos de *Acroceras macrum* Stapf**

Selection of *Acroceras macrum* Stapf hybrids

Ferrari Usandizaga S.C.\*<sup>1</sup>, Peichoto M.C.<sup>2</sup>, Royo O.M.<sup>1</sup>, Gándara L.<sup>1</sup>, Theisen S.J.<sup>3</sup>, Gonzales J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Estación Experimental Corrientes. <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE).

\*ferrari.usandizaga.s@inta.gob.ar

*Acroceras macrum* es una gramínea de origen africano de gran interés forrajero recomendada para áreas anegables subtropicales. Líneas provenientes de un antiguo programa de mejoramiento del ARC de Sudáfrica fueron introducidas en Corrientes y una colección de familias de nuevos híbridos hermanos completos fue producida mediante cruzamientos dirigidos. Esta colección fue caracterizada durante un periodo de 10 años, evaluando características morfológicas de la planta, hojas, tallos e inflorescencias, tanto en el periodo primavera-estival, como otoño-invernal. También se evaluaron variables productivas relacionadas al rendimiento, crecimiento, distribución de biomasa aérea y subterránea, relación en peso entre hojas y tallos y cobertura del suelo, además de estudiar el comportamiento relacionado a la exposición a bajas temperaturas y heladas, estrés hídrico y anegamiento durante periodos prolongados, incluyendo los cambios en la superficie de aerénquima de las raíces. Utilizando 12 de las variables morfológicas estudiadas se logró distribuir un grupo de 96 híbridos pertenecientes a 16 familias de hermanos completos en 4 grupos en función de sus distancias según el análisis de Gower. La correlación cofenética fue de 0,694. Las distancias entre grupos estuvieron en un rango de 0,5 a 0,58 unidades. El estudio de las variables productivas y del comportamiento en situaciones de estrés permitió seleccionar líneas dentro de estos 4 grupos, con diferencias morfológicas entre sí, y con un comportamiento que puede relacionarse a una mejor adaptación y productividad en diferentes situaciones ambientales, que pueden encontrarse en diferentes regiones con problemas de anegamiento y exceso hídrico del NEA. En el grupo 1 se encontraron líneas con mayor producción bajo anegamiento permanente y altas temperaturas. En el grupo 2 se encontraron líneas con buena producción en suelos ácidos y pobres con una tolerancia al frío intermedia. En el grupo 3 se encontraron líneas con tolerancia a periodos de sequía y en el grupo 4, líneas con buena producción en una variedad amplia de ambientes con buena humedad de suelo y mayor tolerancia al frío y heladas. Estos resultados contribuyen a la producción y selección de líneas avanzadas para ser inscriptas como cultivares.

---

## **Validación de un método simple y económico para la obtención de índices de vegetación a alto caudal en un cultivo de trigo.**

Validation of a simple and economic method for high-throughput obtention of vegetation indices in a wheat crop.

Molina Favero C.<sup>1</sup>, Velázquez L.<sup>2</sup>, Pereyra Irujo G.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Mejoramiento Genético de Trigo y Cereales de Invierno. Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce, INTA - FCA, UNMdP). <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias. Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce, INTA - FCA, UNMdP). <sup>3</sup>Laboratorio de Fisiología Vegetal. Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce, INTA - FCA, UNMdP). CONICET.

\*pereyrairujo.gustavo@conicet.gov.ar

La captura de imágenes aéreas mediante “drones” permite el cálculo de índices de vegetación (e.j. NDVI, VARI) de forma rápida, precisa e independientemente de condiciones atmosféricas como la presencia de nubes. Estos índices, que pueden ser utilizados como estimadores de área foliar, biomasa y concentración de N, han comenzado a ser aplicados para fenotipado en programas de mejoramiento. Las alternativas de software y hardware de código abierto usualmente son más accesibles, personalizables y reproducibles que aquellas propietarias, sin embargo, su uso suele estar limitado por dudas sobre la calidad y confiabilidad de las herramientas. En este sentido, los drones con cámaras de espectro visible (“RGB”) son significativamente más accesibles que aquellos equipados con cámaras multispectrales. En este trabajo se superó esta limitación mostrando la capacidad de las herramientas de código abierto “Open Science Drone Toolkit” para determinar con precisión un índice de vegetación sobre un cultivo de trigo, contrastando los resultados con los obtenidos mediante un sensor portátil comercial y datos satelitales. Se realizó un vuelo programado con el dron de código abierto OVLI, equipado con una cámara RGB de 12 megapíxeles, sobre un área de una hectárea de un cultivo de trigo pan de ciclo corto en etapa de llenado de granos (Z7.7 escala Zadoks), seleccionada por presentar maduración despareja. Se obtuvieron 104 imágenes aéreas con las cuales se armó un ortomosaico de resolución de 2 cm/píxel y a partir de los canales rojo/azul/verde se calculó el índice VARI. Con datos satelitales de la constelación Sentinel 2, obtenidos un día después del vuelo se calculó el NDVI para el área seleccionada con una resolución de 10 m/píxel. Previo al vuelo se evaluó el NDVI en el área seleccionada con un sensor portátil (Greenseeker, N-tech Industries, EE.UU.) tomando datos en 6 transectas paralelas a los surcos de cultivo de 70 m (aprox. 700 datos NDVI por transecta). Para comparar los valores VARI y NDVI en el ortomosaico se delimitaron i) 140 áreas de 10x10 m equivalente a los píxeles de la imagen satelital y ii) 35 áreas de 2x2 m a lo largo de cada transecta; y en cada área delimitada se promedió el valor VARI. Los datos VARI fueron comparados con los datos NDVI satelitales y del Greenseeker y se ajustaron ecuaciones exponenciales de la forma  $y=axb-c$ . En ambos casos la correlación fue significativa con  $R^2$  de 0,84 y 0,88, respectivamente. Estos resultados muestran que se pueden obtener datos confiables y reproducibles en los índices de vegetación utilizando herramientas de código abierto accesibles, utilizando una cámara RGB de costo reducido y ampliamente disponible, con calidad similar a instrumentos y herramientas de referencia. El uso del dron permite además una mayor resolución espacial y rapidez en la toma de datos. Esta correlación VARI (dron) y NDVI (satelital y/o mediante sensor portátil) será nuevamente validada con datos de la red de ensayos del programa PROCISUR (en proceso) y se espera aplicar esta herramienta para la comparación de cultivares en un programa de mejoramiento de trigo pan.

---

## **Utilización de índices multispectrales relevados mediante un UAV para la predicción de rendimiento, número y peso de granos en maíz.**

Use of multispectral indices obtained by a UAV for the prediction of yield, number and weight of grains in maize.

Ogando F.A.<sup>1-2\*</sup>, Razquin C.<sup>3</sup>, Di Leo N.<sup>4</sup>, Vega C.R.C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>2</sup>EEA INTA Manfredi. <sup>3</sup>Universidad Nacional de Villa María. <sup>4</sup> Universidad Nacional de Rosario.

\*ogando.federico@inta.gob.ar

El fenotipado de cultivos mediante imágenes multispectrales con drones tiene alto potencial para la caracterización de germoplasma y la evaluación de prácticas de manejo en cultivos y sistemas en forma rápida y no destructiva. Variaciones en la densidad de plantas y la fertilización nitrogenada modulan la captura y el uso de recursos a través de sus efectos en la estructura y composición del canopy. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad predictiva de tres índices de vegetación espectrales (IV) sobre el rendimiento y sus componentes (i.e., el número -NG- y peso -PG- de granos) en cultivos de maíz sembrados en fecha de siembra tardía. Dos experimentos con cuatro genotipos comunes fueron sembrados en dos localidades (Manfredi y Villa María, Córdoba). Se generó un amplio

rango de cobertura del canopeo y estado nitrogenado a través de combinaciones de densidad de plantas (4, 8 y 12 pl m<sup>-2</sup>) y nutrición nitrogenada (N suelo + fertilizante en el rango de 25 a 470 kg N ha<sup>-1</sup>). En Manfredi, se relevó el valor del índice Soil Plant Analysis Development (SPAD) en hoja de espiga en el estadio fenológico de R2. Se calcularon tres IV (NDVI, GNDVI y NDRE) mediante el relevamiento de imágenes multispectrales con una cámara Parrot Sequoia con cuatro bandas espectrales (verde, rojo, borde rojo e infrarrojo cercano) montada en un vehículo aéreo no tripulado (UAV). En madurez fisiológica (humedad 0%), se determinó el rendimiento y componentes. Regresiones lineales entre los IV y el rendimiento y/o sus componentes fueron construidas para evaluar la capacidad predictiva de los IV (la bondad de ajuste de los modelos fue determinada mediante el estadístico R<sup>2</sup>). El rendimiento varió entre 2 a 14 tn ha<sup>-1</sup>, siendo el NG el componente que explicó el 82% de la variabilidad relevada. El valor SPAD en hoja de espiga fluctuó entre 35 y 60 (máximo en la densidad más baja). Todos los modelos entre IV y el rendimiento o el NG fueron significativos (64<R<sup>2</sup><84%) y únicos para las dos localidades. Entre los IV evaluados, el NDRE fue el que presentó mayor variabilidad entre tratamientos (CV=19 vs 4%), destacándose en la predicción del peso de granos (R<sup>2</sup> 48% superior a los otros IV evaluados). La predicción de los modelos mejoró cuando se incluyó la variable densidad de plantas. En el tratamiento de baja densidad, los IV mostraron menor asociación con el rendimiento o NG, en comparación con modelos únicos para las densidades de 8 y 12 pl m<sup>-2</sup>. En este estudio, una medición puntual de IV al comienzo del llenado de granos en maíz permitió estimar con una aceptable bondad de ajuste el rendimiento y sus componentes, en cultivos sembrados bajo una amplia disponibilidad de recursos. Sin embargo, en bajas densidades, dichas relaciones fueron menos robustas, probablemente como consecuencia de una limitación de destinos. Asimismo, a similar IV la cobertura del canopeo fue menor y la concentración de N mayor en comparación con densidades más altas, aspecto que explica la diferencia de modelos entre densidades. Son necesarios estudios que prueben diferentes índices que modelen estas respuestas con el objetivo de obtener modelos únicos entre densidades.

### **Predicción de rendimiento, número y peso de granos mediante índices multispectrales relevados mediante un UAV en ambientes contrastantes de disponibilidad de recursos en Soja.**

Prediction of yield, number and weight of grain through multispectral indices obtained by a UAV in contrasting environments of resource availability in Soybean.

Ogando F.A.<sup>1-2\*</sup>, Peirone L.<sup>1-2</sup>, Cicconi M.<sup>3</sup>, Raspa F.<sup>2</sup>, Ovando G.<sup>4</sup>, Vega C.R.C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>2</sup>EEA INTA Manfredi. <sup>3</sup>Asesor privado. <sup>4</sup>Facultad de ciencias agropecuarias, UNC.

\*ogando.federico@inta.gob.ar

En Argentina, la amplia variabilidad en las brechas de rendimiento entre los potenciales en seco y los rendimientos de productores (45%), es probable que esté explicada por la falta de un correcto ajuste entre la oferta y la demanda de recursos (*i.e.*, agua y radiación solar). Combinaciones de prácticas de manejo con el genotipo y la fecha de siembra modulan su captura. Actualmente, los sensores remotos permiten evaluar índices de vegetación (IV) espectrales con potencial para caracterizar variables asociadas con la captura y eficiencia en el uso de los recursos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad predictiva de tres IV sobre el rendimiento, sus componentes (*i.e.*, el número -NG- y peso -PG- de granos), la biomasa producida y el número de vainas en cultivos de soja sembrados bajo distintas combinaciones de manejo. Para ello, se sembraron a campo cuatro genotipos de soja (grupo de madurez III a VI) en dos fechas de siembra (FSte: Octubre y FSta: Noviembre) y bajo dos condiciones hídricas (riego y seco). Las diferentes combinaciones de manejo permitieron modular la duración de ciclos y la captura de recursos (agua y radiación solar) durante el período crítico del cultivo (R3-R6). Durante este período, se calculó mediante imágenes multispectrales obtenidas a partir de un dron Phantom 4 modificado con una cámara Sequoia multispectral el área bajo la curva de tres IV (IV<sub>R3-R6</sub>) construidos mediante la combinación de diferentes bandas (NDVI, GNDVI y NDRE). Los tratamientos permitieron explorar un amplio rango de valores de IV<sub>R3-R6</sub> (CV=24%) y de rendimientos (3366 a 6861 kg ha<sup>-1</sup>). Los tratamientos FSte exhibieron un IV<sub>R3-R7</sub> en promedio un 27% superior a los FSta reflejando el efecto positivo de las FSte sobre la duración de la etapa de generación de vainas R3-R6. Todos los IV<sub>R3-R6</sub> exhibieron correlaciones significativas con NG en R7 y rendimiento (kg ha<sup>-1</sup>). Por el contrario, no mostraron correlaciones significativas para PG. Dentro de estos GNDVI<sub>R3-R6</sub> se destacó en su capacidad predictiva para el NG (R<sup>2</sup> > 61%) y permitió la construcción de un único modelo de respuesta para todos los genotipos evaluados. Sin embargo, bajo distintas condiciones hídricas,

se encontraron modelos plateau-lineal para el NG que diferenciaron su pendiente cuando  $GNDVI_{R3-R6} > 26$  y en dónde la pendiente en seco fue menor a la observada para riego (80 vs. 106) para las FSte. Las altas capacidades predictivas (>50%) de los índices evaluados ( $GNDVI_{R3-R6}$ ,  $NDVI_{R3-R6}$  y  $NDRE_{R3-R6}$ ) demuestran su potencial como herramientas para evaluar cultivos en términos de su habilidad para la captura de recursos y su relación con procesos eco-fisiológicos que definen el crecimiento. Los diferentes modelos encontrados con  $GNDVI_{R3-R6}$  para las distintas condiciones hídricas podrían ser explicados por procesos relacionados con la eficiencia en el uso de los recursos hídricos y radiativos explicados por diferencias en el estado fisiológico de los cultivos. Estos resultados sientan bases para estudios complementarios que relacionen  $IV_{R3-R6}$  con aspectos como el consumo hídrico, la eficiencia en el uso del agua y la radiación, y que permitan una mejor caracterización de procesos eco-fisiológicos conducentes al cierre de brechas.

---

## **Fenotipado del desarrollo fenológico en soja [*Glycine max* (L.) Merrill] a partir de índices de vegetación multiespectral.**

Phenological development phenotyping in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] from multispectral vegetation indices.

Peirone L.S.<sup>1-4-5\*</sup>, Cicconi E.<sup>2</sup>, Ogando F.<sup>1-4</sup>, Raspa F.A.<sup>4</sup>, Ovando G.<sup>3</sup>, Vega C.R.C.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). <sup>2</sup>Asesor Privado. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, UNC. <sup>4</sup>EEA INTA Manfredi. <sup>5</sup>IAPCByA UNVM.

\*peirone.laura@inta.gob.ar

El desarrollo de cultivares más adaptados a través de la mejora genética es clave como parte de las estrategias para maximizar la eficiencia en el uso de los recursos, aún en el contexto de anomalías climáticas que promueven condiciones de estrés abiótico. Sin embargo, el fenotipado de materiales genéticos a campo presenta complejidad por su alto costo en recursos y tiempo. El objetivo de este trabajo fue evaluar distintos índices de vegetación multiespectrales (IV) en su habilidad para discriminar genotipos de soja con fenología contrastante. Cuatro genotipos de soja de diferentes grupos de madurez (GM III al VI) fueron sembrados el 26 de octubre de 2020, en seco en Manfredi, (Ar) bajo un diseño experimental en bloques completos al azar con tres repeticiones. Se determinó fenología y el progreso temporal de cuatro IV ( $NDVI$ ,  $GNDVI$ ,  $GRVI$  y  $NDRE$ ) a partir de imágenes multiespectrales relevadas seis veces durante el ciclo del cultivo mediante un dron Phantom 4 y cámara Sequoia multiespectral. Todos los IV, aunque en diferente magnitud, mostraron capacidad discriminante de los genotipos evaluados, particularmente durante las etapas más tardías de desarrollo. Los índices  $GRVI$  y  $NDRE$  exhibieron mayor capacidad discriminante de genotipos durante todo el ciclo.  $NDRE$  mostró mayor habilidad que los restantes para detectar tempranamente el momento de inicio de la senescencia foliar que ocurre alrededor del estadio fenológico R6. Aunque en este estudio, el objetivo se centró en el fenotipado de la variación genotípica en el desarrollo, los cambios en la reflectancia de los canopeos capturados por los IV también reflejaron procesos relacionados con diferencias en la captura y uso de la radiación solar (i.e. velocidad de avance y senescencia de la cobertura vegetal y otros asociados con la condición hídrica de los canopeos). Los resultados obtenidos indican que es posible caracterizar materiales genéticos por su duración de fases mediante índices de vegetación. Dicha herramienta puede incrementar la eficiencia del fenotipado de alto caudal en soja. Palabras clave. Genotipos, fenología, sensoramiento remoto,  $NDVI$ ,  $GNDVI$ ,  $NDRE$ ,  $GRVI$ .

---

## **Estimación de altura de plantas de girasol mediante imágenes obtenidas mediante drones y sensores.**

Estimation of height of sunflower plants from images obtained by drones and sensors.

Velazquez L.<sup>1\*</sup>, Pereyra Irujo G.<sup>2</sup>, Aguirrezabal L.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. <sup>2</sup>INTA, CONICET. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP.

\*lvelazquez@mdp.edu.ar

Si bien la genómica ha progresado a una velocidad sin precedentes en los últimos años, el impacto de la información genética generada no ha sido el esperado. Esto se debe en gran medida a que el fenotipado sigue siendo el cuello de botella para utilizar efectivamente la información genómica disponible. La altura de las plantas constituye un carácter relevante para el mejoramiento genético ya que se relaciona con el rendimiento, la capacidad de almacenamiento de reservas y la susceptibilidad al vuelco. Además, es un buen predictor de la biomasa, la fenología y el estrés. La determinación de la altura de las plantas en programas de mejoramiento genético es una labor que demanda mucho tiempo y trabajo. Es por ese motivo que generalmente se ve reducida a la medición de pocas plantas de cada tratamiento/genotipo. Si bien existen antecedentes en la estimación de altura mediante drones y sensores, la mayoría se basan en el uso de drones y sensores sumamente costosos (cámaras hiperespectrales, LIDAR). El uso de imágenes aéreas obtenidas mediante el uso de drones y sensores de código abierto y de bajo costo permitiría obtener una gran cantidad de datos de altura de planta con precisión y en poco tiempo. En este trabajo se estimó la altura de 50 genotipos de girasol cultivados en 2 localidades (Camet y Quemú Quemú) y 2 tratamientos hídricos (riego y seco), con 3 repeticiones (600 parcelas en total). Las estimaciones se realizaron en base al análisis de imágenes aéreas obtenidas mediante el uso de drones y cámaras de espectro visible. A partir de las imágenes aéreas se construyó un mosaico ortorrectificado y mediante fotogrametría se elaboró un modelo digital de elevación a partir del cual se estimó la altura de cada genotipo y tratamiento. Para la estimación de la altura mediante imágenes aéreas, se tomaron las 20 plantas correspondientes al surco central de cada parcela mientras que, para la medición directa, se tomaron 3 plantas representativas correspondientes al mismo surco. La altura de las plantas difirió significativamente entre genotipos, pero no entre tratamientos dentro de cada localidad. Las estimaciones de altura mediante el análisis de las imágenes aéreas se validaron contrastando las mismas con las mediciones directas de la altura de las 3 plantas medidas en forma directa. Se encontró una fuerte correlación entre la altura estimada y medida en todos los ambientes hídricos y localidades con  $R^2$  que varió entre 0,66 y 0,79. Si bien las diferencias de altura entre genotipos y tratamientos variaron entre localidades; los resultados obtenidos permiten afirmar que mediante la metodología utilizada se puede determinar la altura de plantas de girasol a alto caudal mediante imágenes aéreas obtenidas a partir de drones y sensores.