

MV 3**VARIABILIDAD GENOTÍPICA, HEREDABILIDAD Y AVANCE GENÉTICO EN AMARANTO GRANÍFERO (*Amaranthus* spp.)**

Mójica C.J.^{1,2}, M.A. Ibañez^{1,2}, N. Marcellino¹, A. Nicola¹, E.G. Peiretti¹. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²UNRC-CONICET, Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), Argentina. jmojica@ayv.unrc.edu.ar

El amaranto es un pseudocereal con amplia adaptación a condiciones agroclimáticas variables, incluso restrictivas. Los parámetros genéticos, el coeficiente de variación, la heredabilidad y el avance genético, proporcionan medidas de variabilidad y eficiencia de selección. El objetivo fue determinar los parámetros genéticos de rendimiento de grano y de otros caracteres agronómicos de 20 genotipos de amaranto en 12 ambientes (Río Cuarto, Argentina), con genotipos desbalanceados. Las variables analizadas fueron: altura de planta, días a panojamiento y a madurez fisiológica, longitud de panoja, índice de vuelco, de fertilidad y de reventado, peso de semillas y rendimiento. Los componentes de la varianza se estimaron mediante modelos mixtos vía REML. Los resultados mostraron diferencias significativas entre genotipos. Las varianzas fenotípica y genotípica fueron semejantes para todos los caracteres, excepto para rendimiento donde la fenotípica fue mayor, indicando influencia de factores ambientales. Las estimaciones de heredabilidad en sentido amplio fueron altas, excepto para rendimiento y vuelco. Los coeficientes de variación genética y fenotípica fueron moderados, con poca diferencia entre ellos, indicando fuerte determinación genética en estos caracteres. El avance genético esperado fue moderado para la mayoría de los caracteres, excepto para vuelco y reventado. Altos valores de heredabilidad, junto a moderados valores de avance genético en la mayoría de los caracteres, sugieren genes con efectos genéticos no aditivos. Alta heredabilidad asociada con alto avance genético para vuelco y reventado indican genes con efectos aditivos y sugieren factibilidad de mejora por selección. La información generada permitiría orientar estrategias de mejoramiento y maximizar la ganancia genética.

Secretaría de Ciencia y Técnica, Universidad Nacional de Río Cuarto

MV 4**INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE DE LA RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO EN MAÍZ Y SU IMPLICANCIA EN LA SELECCIÓN GENÓMICA**

Rossi E.^{1,2}, M. Ruiz^{1,2}, N.C. Bonamico^{1,2}, M.G. Balzarini^{3,4}. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-INTA), Argentina. erossi@ayv.unrc.edu.ar

La variación de los niveles de infección de la enfermedad Mal de Río Cuarto (MRC) en maíz (*Zea mays* L.) impacta en las varianzas de interacción. La interacción genotipo-ambiente (GxE) para resistencia a MRC, a su vez, impacta la selección genómica. Nuestro objetivo fue analizar la eficiencia de la predicción genómica de resistencia a MRC bajo distintos escenarios de interacción GxE. Evaluamos un panel diverso de 290 líneas de maíz respecto al índice de severidad (ISE) en 11 ambientes de la región donde la enfermedad es endémica. Se estimó varianza genotípica -Var(G)- y varianza de la interacción GxE -Var(GxE)- y se realizó predicción genómica (PG) a partir de 10.810 SNPs y diferentes modelos para las estructuras de covarianzas para GxE y residual. La PG se realizó trabajando con los 11 ambientes y con subgrupos de tres ambientes de menor incidencia (<5%) y de mayor incidencia (>56%). La Var(GxE) fue menor a la Var(G) en ambientes de incidencia alta ($H^2=0,70$), donde la eficiencia de la PG también fue mayor ($r^2=0,43$ para predecir nuevos genotipos). En ambientes de baja incidencia la Var(GxE) representó el 86% de la variabilidad total del ISE y la eficiencia de la PG fue baja ($r^2=0,08$). Trabajar con todos los ambientes, incrementó las estimaciones de varianza ambiental pero no la H^2 y consecuentemente no mejoró la PG. Un mejor entendimiento fenotípico de la interacción GxE es esencial para tomar mejores decisiones basadas en información genómica.

FONCYT PICT; 2018 UNC 03321; CONICET