

## MV 5

**GENÓMICA PARA LA RESISTENCIA A BACTERIOSIS EN MAÍZ (*Zea mays* L.)**

Ruiz M.<sup>1,2</sup>, E. Rossi<sup>1,2</sup>, N. Bonamico<sup>1,2</sup>, M. Balzarini<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-INTA), Argentina. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

En el sur de Córdoba (Argentina), el cultivo de maíz se encuentra afectado por enfermedades virales y fúngicas para las cuales existen genotipos resistentes. Recientemente, han emergido problemas de bacteriosis (BD), causados principalmente por *Xanthomonas* spp., para las que no existen híbridos resistentes. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones del genoma de maíz útiles para mejorar su reacción frente a BD. Durante los ciclos agrícolas 19–20 y 20–21, se fenotipó para BD en cuatro ambientes del sur de Córdoba un panel altamente diverso de 200 líneas endocriadas provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). En todos los ambientes hubo alta infestación natural y daños en la población de líneas (50 a 75% de las hojas inferiores con daños severos). Se midió severidad (SEV) de la sintomatología, promedio por parcela, en cada genotipo. Primero, se ajustó un modelo lineal mixto a los datos fenotípicos para descontar efectos ambientales y extraer el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) de cada genotipo. Segundo, se modeló la asociación fenotipo-genotipo utilizando el BLUP de SEV para cada genotipo como variable respuesta y 46.990 marcadores del tipo SNP como variables explicativas. Los resultados muestran que el germoplasma explorado contiene alto nivel de variabilidad genética para resistencia a BD y señalan 11 regiones genómicas asociadas como promisorias para el desarrollo de híbridos resistentes.

CONICET; FONCYT -PICT 03321 2018

## MV 6

**ANÁLISIS MORFOLÓGICO DE GENOTIPOS DE MAÍZ NATIVOS DEL NOA ARGENTINO COMO FUENTE DE VARIABILIDAD PARA LA MEJORA GENÉTICA**

Torres Carbonell F.J.<sup>1</sup>, S. Callava<sup>1</sup>, M.S. Ureta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina. msureta@uns.edu.ar

El maíz (*Zea mays* L. subsp. *mays*), si bien es una especie originaria de Centro-América, presenta un centro de diversidad en Perú-Bolivia, que incluye el NO argentino como límite sur. A través de importantes procesos de mejora se han obtenido cultivares uniformes de mayor rendimiento y calidad, perdiendo gran parte de la variabilidad de los genotipos ancestrales. Los objetivos de este trabajo fueron estudiar la variabilidad genética presente en distintos genotipos nativos y mejorados de maíz, y determinar características en los mismos que podrían ser exploradas para iniciar un proceso de mejora. Se evaluaron en un jardín común, tres genotipos originarios de la provincia de Salta junto con cuatro variedades de polinización abierta cedidas por el INTA Pergamino. Se midieron caracteres morfológicos en distintos estadios fenológicos, 22 caracteres cuantitativos y 14 cualitativos. A partir de los mismos, se realizó un análisis de la variabilidad de todos los genotipos. Los resultados demostraron que los genotipos incógnita poseen una mayor variabilidad que los materiales mejorados, reflejado en el análisis gráfico de los descriptores cualitativos como en el coeficiente de variación que presentaron algunos de los caracteres cuantitativos de estos materiales. Varios de estos caracteres medidos sobre los genotipos originarios de la provincia de Salta, como el peso de la espiga, el número de espigas en el tallo principal y el número de granos por espiga no tuvieron diferencias significativas con los cultivares de mejor performance y podrían aportar variabilidad a un programa de mejora.