

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

EFFECTO DEL ETIL METANOSULFONATO SOBRE LA CAPACIDAD EMBRIOGÉNICA Y LA REGENERACIÓN *IN VITRO* EN CAÑA DE AZÚCAR

Di Pauli V.¹, P.D. Fontana¹, D.M. Lewi², L.E. Erazzú¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Tucumán, Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF), Buenos Aires, Argentina. dipauli.valentina@inta.gob.ar

El mejoramiento genético de caña azúcar se enfrenta a su complejo genoma, la estrecha base genética, y la fertilidad deficiente que dificultan la obtención de genotipos superiores. La mutagénesis es una herramienta alternativa para generar variabilidad en el germoplasma existente. Asimismo, la embriogénesis somática es una excelente vía para la inducción química de mutaciones, disminuyendo la aparición de quimeras entre las plantas regeneradas. En caña de azúcar, la sensibilidad de los callos embriogénicos a mutágenos, así como su capacidad de regeneración varía según el genotipo. Por lo tanto, un paso esencial es la optimización de la dosis de mutágeno apropiada según el genotipo a mejorar. En este estudio, se expusieron callos embriogénicos del genotipo INTA CP 98-828, previamente caracterizado en su respuesta al cultivo *in vitro*, a diferentes dosis (0, 8, 16, 32 y 48 mM) de etil metanosulfonato (EMS) durante 3 hs para inducir variación genética. Los resultados mostraron diferencias significativas en la capacidad de recuperación, la sensibilidad de los callos al mutágeno y la capacidad de regeneración entre las dosis de EMS evaluadas ($p < 0,05$). Las concentraciones de EMS ≤ 32 mM fueron óptimas para regenerar un número suficiente de plantas normales (103-204 plantas/placa de Petri) en el cv. INTA CP 98-828, siendo la DL50 45,6 mM para la recuperación de los callos y 29,4 mM para la regeneración. Nuestros resultados presentan la posibilidad de aprovechar este enfoque para introducir nuevas variantes genéticas en el programa de mejoramiento genético de caña de azúcar de INTA.

ANÁLISIS DE ENSAYOS AGRÍCOLAS MULTIAMBIENTALES CON BASES DE DATOS COMPLETAS E INCOMPLETAS

Ibañez M.A.¹, F.M. Aguade², M.A. Di Renzo¹, M.G. Balzarini². ¹Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²CONICET, Estadística y Biometría, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. mibanez@ayv.unrc.edu.ar

Los ensayos multiambientales (EM) de maíz permiten evaluar híbridos a través de localidades y años. Las bases de datos multianuales de EM usualmente son incompletas dado que no todos los híbridos son evaluados en todas las localidades y años. Bajo el mecanismo de datos faltantes que impone la dinámica del mercado de semilla, las estimaciones de varianzas y parámetros genéticos estimados en el marco teórico de los modelos lineales mixtos (MLM) son sesgadas. En este trabajo se evalúa el desempeño de los MLM en la estimación de las componentes de varianza, desde bases multianuales completas y progresivamente incompletas para determinar la robustez de las estimaciones frente al porcentaje de datos faltantes. También se cuantifica el impacto de los datos faltantes sobre medidas de estabilidad genotípica y sobre predictores del mérito genético de cada material. Los resultados muestran que aún con un 20% de datos faltantes, las relaciones entre las componentes de varianza genotípica y de interacción genotipo-ambiente son conservadas, y que con más de 30% de datos faltantes, la varianza genotípica es subestimada. Las medidas de estabilidad derivadas del MLM, permiten mejorar el ranking de los genotipos con datos faltantes y con datos completos no existen diferencias de ordenamientos con la clásica varianza de Shukla para el estudio de interacción genotipo-ambiente. El análisis de ensayos multianuales de híbridos de maíz mediante MLM es beneficioso para la estimación de componentes de varianza y para el análisis del desempeño de los híbridos tanto en sentido amplio como específico.