

SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE MANÍ RESISTENTES A VIRUELAS TEMPRANA Y TARDÍA

Fargioni, C. F.¹, M. V. Moreno², M. N. Fissore¹, J. O. Gieco²
¹Universidad Nacional de Villa María, ²Biotecnología EEA INTA Manfredi.
jogieco@correo.inta.gov.ar

Introducción

El Banco de Germoplasma de Maní existente en la EEA Manfredi cuenta con 3560 entradas de maní cultivado *Arachis hypogaea* provenientes de 40 países y 110 entradas de maníes silvestres. El presente trabajo se encuentra enmarcado dentro de un Proyecto Nacional en Biotecnología para cultivos industriales cuyo objetivo principal es caracterizar la base de germoplasma de maní en cuanto a su comportamiento agronómico (resistencia y/o tolerancia a estreses bióticos y abióticos) con la finalidad de detectar, mapear y transferir los genes que confieren estas características a nuevas líneas desarrolladas por el programa de mejoramiento genético de maní. Se conoce previamente que existe variabilidad genética entre genotipos del género *Arachis* en relación a los caracteres que determinan la resistencia y/o tolerancia a enfermedades, sugiriendo la posibilidad de aplicar diferentes esquemas selectivos destinados a mejorar el status sanitario de los nuevos materiales producidos. Por lo expuesto se puede inferir que los recursos genéticos de una determinada especie constituyen la base del programa de mejoramiento genético vegetal.

Con el transcurso de los años se ha producido un estrechamiento de la base genética de muchas especies cultivadas como consecuencia de la aplicación de esquemas selectivos rigurosos, generando así una disminución de la variabilidad genética y un aumento de la vulnerabilidad frente a enfermedades, plagas, sequía, salinidad, etc. Esta situación requiere un incremento de la variabilidad a través de la utilización de los recursos genéticos disponibles en los Bancos de Germoplasma.

Materiales y Métodos

En el presente trabajo fueron evaluados 35 genotipos de maní cultivado provenientes del Banco de Germoplasma de la EEA Manfredi (introducciones y cultivares comerciales). Se evaluó el comportamiento de los mismos frente a dos patógenos foliares de importancia económica para el cultivo del maní: Viruela Temprana (*Cercospora arachidicola*) y Viruela Tardía (*Cercosporidium personatum*). Fue utilizado un diseño experimental en bloques aleatorizados con 4 repeticiones. Las inoculaciones de ambos patógenos se llevaron adelante en el momento de inicio de floración, con una suspensión de esporos ajustada a una concentración de 10^6 a 10^8 esporos/ml., obtenidas a partir de la esporulación inducida de cultivos puros de los respectivos patógenos. La evaluación de la severidad de la enfermedad fue realizada a los 30 días post inoculación, utilizando una escala de severidad de 6 grados (0-5) donde 0 representa ausencia de enfermedad y $5 \geq 87\%$ del área foliar cubierta por lesiones necróticas y cloróticas (Díaz et al., 2006). Fueron realizados análisis individuales de la variancia para ambas viruelas y un análisis conjunto involucrando ambas viruelas. El análisis estadístico se efectuó con el paquete SAS versión V8 (1999).

Resultados y Discusión

En los análisis individuales fueron detectadas diferencias altamente significativas entre introducciones ($P < 0.0001$) para ambas viruelas, indicando el comportamiento diferencial de los genotipos frente al patógeno, pudiéndose observar genotipos resistentes, intermedios y susceptibles. En el análisis conjunto la interacción introducción x viruela fue altamente significativa ($P < 0.0001$), indicando la presencia de progenies con comportamiento diferencial frente a ambas viruelas. Esto último es de gran importancia para la selección de genotipos resistentes a ambas viruelas, pues permite verificar la herencia independiente de la resistencia, generando la necesidad de procesos selectivos diferentes para cada enfermedad.

El objetivo final del presente trabajo fue seleccionar accesiones que serán empleadas como parentales en cruzamientos destinados a formar poblaciones para mapeo de genes de resistencia-tolerancia a ambas viruelas y poblaciones segregantes para mejoramiento genético. De este modo, la detección y mapeo de los genes involucrados posibilitará a su vez la implementación de esquemas de selección asistida destinados a transferir estos genes a líneas elite de maní.