

MV 33

CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE CLONES DE PAPA EN LA COSECHA DE OTOÑO EN EL SUR DE BRASIL

Wolter D.D.¹, F.F. Cima¹, E.A. Lenz¹, T.A. Silva¹, F.Q. Azevedo², A.S. Pereira³. ¹Programa de Pós Graduação em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil. ²Analista, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil. ³Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.
Email: daianawolter@gmail.com

La identificación de germoplasma adaptado es importante para los programas de mejoramiento de papa, especialmente cuando proceden de diferentes acervos genéticos. En este contexto, el objetivo de este estudio fue verificar los caracteres de componentes de producción de nueve clones de papa. El experimento se llevó a cabo en el otoño de 2013 y 2014, en Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Brasil (31° 40" S, 52° 26" W; 60 m.s.n.m.). Se evaluaron los clones C91.640, C90.170, WA077/320.16 y WA104 originado a partir de Perú (CIP), Achirana de la Argentina (INTA), Atlantic (USDA Beltsville), Granola de la Alemania (Pflanzenzucht SAKA) y Pukara y Yagana del Chile (INIA). El diseño experimental fue de bloques al azar con cuatro repeticiones. Se evaluaron los caracteres de producción: masa total de tubérculos, masa de tubérculos comerciales, masa media de tubérculos comerciales, y el porcentaje de masa de tubérculos comerciales. La ANOVA reveló diferencia significativa entre los clones para todos los caracteres. El promedio de la masa total de tubérculos, los clones C91.640, C90.170 y WA.104 con más de 20 t ha⁻¹ se pusieron de relieve, al carácter masa de tubérculos comerciales de nuevo los clones C91.640 y C90.170 tenían un mejor rendimiento, por lo que respecta al peso promedio de tubérculos comerciales los clones C91.640 y Atlantic obtuvieron los valores más altos de porcentaje en masa de tubérculos comerciales por encima de 89 %. Por lo tanto, C91.640 y C90.170 los clones derivados a partir del CIP, se han adaptado a la cosecha de otoño en el sur de Brasil.

MV 34

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA PRELIMINAR DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE FRUTILLA DE INIA, URUGUAY

Arruabarrena A.¹, M. Salvo³, M. Giambiasi¹, E. Vicente¹, G. Giménez², P. Speranza⁴. ¹Estación Experimental INIA Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. ²Estación Experimental INIA Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. ³Laboratorio de Virología Molecular, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República, Uruguay. ⁴Laboratorio de Evolución y Domesticación de las Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.
Email: aarruabarrena@inia.org.uy

El cultivo de frutilla en Uruguay se realiza principalmente en el Litoral Norte (Salto) y en la zona Sur (San José). La primera se especializa en la producción de fruta de invierno y principios de primavera con cultivares de día corto de origen nacional y cultivo protegido. En la zona Sur la producción de fruta se concentra en primavera y verano utilizando principalmente cultivares introducidos de día neutro. En 1992 surge el Proyecto de Mejoramiento de Frutilla de INIA en la zona Sur. En 1999 se iniciaron en la zona norte cruzamientos y selección de individuos en dos ambientes: invernadero y a campo, y a partir de 2005 se realizan cruzamientos específicos para cada ambiente. Con el objetivo de conocer el efecto de las diferentes estrategias de selección y cruzamientos sobre la estructura genética del germoplasma se analizaron un total de 72 clones representativos de las tres poblaciones con marcadores moleculares. Se utilizaron 13 loci de microsatélites que originaron 98 alelos. Debido a que el genoma de la frutilla es octoploide, los datos se analizaron como marcadores dominantes. Se realizó un análisis de agrupamiento y un análisis molecular de la varianza que muestran que los programas del norte y el sur se diferencian significativamente en un 5% y que la diferenciación en el germoplasma del norte entre los dos ambientes es solo incipiente. A pesar del origen de todo del germoplasma en un único programa y de la utilización de varios progenitores comunes en ambas zonas, las decisiones tomadas en cada zona han conducido a la conformación de dos acervos genéticos diferentes.