

CORRELACION GENÉTICA DE COMPONENTES DE RESISTENCIA EN MANI FRENTE A *Sclerotinia minor* Y *Sclerotium rolfsii*. I. MÉTODO *IN-VITRO*

Baldessari¹, J.; Guerra¹, G.D.; Plazas¹, M.C.; Giandana, E. y F. Casanoves². ¹EEA INTA Manfredi. Ruta Nac. 9, km.636. egiandana@correo.inta.gov.ar ²FCA-UNC

Introducción

La resistencia a patógenos fúngicos en maní es uno de áreas más importantes en la mayoría de los programas de mejora en el mundo. Dentro de la "resistencia" se hallan incluidos dos términos diferentes; el "escape" y la "resistencia verdadera o morfo-fisiológica". En maní, se han propuesto métodos que evalúan esta última a través del daño que producen algunos hongos al atacar ramas en condiciones *in-vitro*. Los datos obtenidos por estos métodos poseen poca incidencia ambiental y son ideales para estimar la correlación genética existente entre las lesiones producidas por patógenos. Sin embargo, solo existe un trabajo sobre la correlación genética existente entre las lesiones producidas por dos patógenos del rizoplaneo, *S. minor* y *S. rolfsii*. Asimismo, no existen datos respecto de qué ocurre con esta correlación entre campañas, por lo que no puede inferirse que pasará con la resistencia a uno de estos patógenos al seleccionar por el otro. El objetivo del presente trabajo es conocer la magnitud de la correlación genética entre las lesiones producidas *in-vitro* por éstos patógenos en dos campañas sobre genotipos de maní con diverso grado de mejora genética.

Material y métodos

En la campaña 2000-01 se probaron 37 genotipos. Treinta y cinco de éstos se evaluaron nuevamente la campaña 2001-02, más el agregado de 5 nuevos participantes. En total en ambas campañas se evaluaron 44 participantes entre los que había cultivares y líneas del programa de mejora del INTA Manfredi, cultivares de uso y poblaciones sin mejora provenientes de países de Sudamérica.

Ramas provenientes de plantas de cultivadas a secano en la EEA INTA Manfredi fueron utilizadas para evaluar la resistencia del vegetal al avance de cada hongo. Para ello se utilizó el método propuesto por Baldessari (2000). Se evaluaron entre 25 y 60 estacas/genotipo, dependiendo del patógeno y la campaña. La extracción de estacas se realizó cortando 5-8 estacas de cada genotipo, dependiendo del día de corte. Las estacas de un mismo día se consideraron como integrando un "bloque" a los efectos estadísticos. Las variables evaluadas fueron el diámetro de la estaca (covariable) y la longitud de la lesión causada por cada hongo.

Con estas variables se ajustaron 2 modelos para estimar correlación por campaña y con ambas campañas conjuntamente. En el caso de la estimación para cada campaña el modelo aplicado solo consideró bloques y la covariable. En el caso de la estimación de ambas campañas conjuntamente, el modelo contempló efectos de bloques, campañas y la covariable. A partir de ambos modelos se obtuvieron los residuales. Apareando los residuales de cada patógeno se obtuvo la correlación genética entre residuales de ambas lesiones para ambas campañas (conjunta o separadamente).

Resultados

Campaña	Valor de la correlación (r)	Valor de probabilidad
2000-01	0.59	0.0002
2001-02	0.73	0.0001
Ambas conjuntamente	0.70	<0.0001

Los valores obtenidos de correlación entre las lesiones ocasionadas por ambos patógenos son similares a los citados en un trabajo previo en el que emplearon materiales con distinto grado de mejora. La diferencia en el valor de la correlación entre ambas campañas resalta la importancia de evaluaciones repetidas con el objeto de mejorar la exactitud en la estimación del componente de resistencia de cada genotipo en particular. No obstante, aún el menor valor obtenido es considerado muy promisorio desde el punto de vista de la mejora genética. El valor de la magnitud del avance (lesión) de estos patógenos dentro de las ramas es una de las componentes de la resistencia fisiológica y por ello seleccionar por esta característica permitiría mejorar el comportamiento sanitario frente a estos hongos.

Conclusión

El valor de la correlación genética observado puede considerarse alto desde el punto de vista de la mejora genética y sugiere la posibilidad cierta de un avance en la resistencia frente a un patógeno como resultado de la selección frente al otro, a pesar de la diferencia entre los valores observados en ambas campañas.