

# LA COLECCIÓN NÚCLEO DE MANÍ DEL INTA MANFREDI, PARA MANTENER Y EVALUAR VARIABILIDAD GENÉTICA CON RECURSOS ESCASOS

Baldessari<sup>1</sup>, J; Conde<sup>2</sup>, M.B. y Gallardo<sup>1</sup>, R.M.

1- INTA Manfredi 2- INTA Marcos Juarez.

baldessari.jorge@inta.gob.ar

## Introducción

Las Colecciones de Germoplasma son reservorios de genes potencialmente útiles para tareas de investigación y mejora genética. Para ser utilizables, estas colecciones deben ser caracterizadas y evaluadas agronómica, patológica y químicamente. Esto requiere de ingentes recursos (dinero, tiempo, mano de obra, etc.). Estos requerimientos pueden reducirse utilizando una Colección Núcleo (C), que es un subgrupo de la Colección Original que mantiene casi totalmente la variabilidad genética presente en la misma. La Colección de Maní del INTA Manfredi (CMIM) se compone de 3443 entradas activas, provenientes de 40 países (aunque la mayoría provienen de Sudamérica). Las entradas incluyen mayoritariamente landraces, pero también hay cultivares y líneas experimentales. Con el objeto de lograr una C de tamaño tal que permita una evaluación exhaustiva viable en el mediano plazo con recursos escasos, se estableció como objetivo seleccionar alrededor de 150 entradas representando lo mejor posible la variabilidad genética total de la CMIM y conformar así la Colección Núcleo de Maní del INTA Manfredi (CNM). Esta será posteriormente evaluada y utilizada en tareas de investigación y mejora genética. Aquí se presentan los resultados de tales actividades.

## Materiales y Métodos

Tomando como base la totalidad de registros activos dentro de la CMIM, se analizó la variabilidad de los descriptores (variables) cuantitativos dentro de los datos de caracterización: Porte de planta (*a*), Eje central (*b*), Tamaño de planta (*c*), Largo de folíolo (*d*), Ancho de folíolo (*e*), Forma de folíolo (*f*), granos por fruto (*g*), Pico (*h*), Constricción (*i*), Reticulado (*j*), Largo de fruto (*k*), Ancho de fruto (*l*), Largo de semilla (*m*), Ancho de semilla (*n*), Peso de 100 semillas ( $\bar{n}$ ), Score de Viruela (*o*) y Ciclo (*p*). Este análisis tuvo por objeto conocer la variabilidad existente en cada variable y seleccionar aquellas que hayan variado lo suficiente para captar materiales en todo su rango. Posteriormente se analizó la multicolinealidad de las variables, para ello se observaron las correlaciones de Pearson entre los descriptivos y se seleccionaron aquellos que no estaban tan correlacionados entre sí (*r* pequeños y no significativos), ya que duplicarían la información. Excluyendo las variables redundantes (*e*, *l*,  $\bar{n}$ ), se realizó un Análisis de Conglomerados por el método de Ward. Posteriormente para determinar el número de clusters más parsimonioso, se fue probando que dentro de los cluster no hubiera diferencias estadísticas entre los individuos y hubiera diferencia entre clusters. Con ello se fue variando el número de clusters hasta encontrar el número óptimo. Para elegir el número de individuos dentro de un cluster determinado, se buscó que dentro de la CNM el porcentaje de individuos provenientes de ese cluster fuera similar al porcentaje de individuos que representaba el cluster completo dentro de la CMIM. Para seleccionar individuos dentro de cada cluster se determinaron las componentes principales para ese cluster, utilizando las variables usadas en el análisis de conglomerados. Tomando en cuenta las Componentes Principales 1 y 2 se eligieron los individuos que más aportaban a dichas componentes, es decir los puntos más alejados del centro (0;0). En el caso de las pocas entradas en la CMIM pertenecientes a la var. bot. *hirsuta*, se decidió asegurar su inclusión en la CN más allá de su agrupamiento. Una vez concluida la elección de los individuos dentro de cada cluster, se compararon los clusters a través de medidas resúmenes de las variables incluidas en el análisis de conglomerados, para conocer las características de cada cluster. Posteriormente se comparó la media de cada descriptor usado dentro de la CMIM y de la CNM a través de los promedios obtenidos y la variabilidad, con medidas como el coeficiente de variación, mínimo, máximo y variancia para ver si con el proceso de selección se respetaban las características de la población; para ello se realizaron tests para diferencias de medias y de variancias.

## Resultados y Discusión

La CNM quedó constituida por 154 accesiones. De un total de 3443 accesiones activas en la CMIM, solo 2376 tenían taxonomía confirmada. Las frecuencias absolutas y relativas de cada variedad botánica presentes en ésta y en la CNM pueden observarse en la Tabla 1. La representación por diseño de la var. bot. *hirsuta* causó las mayores modificaciones en los porcentajes de *hypogaea* (-6%) y *peruviana* (+4%). Curiosamente *fastigiata* no sufrió modificación alguna. A pesar de que la taxonomía no se utilizó a la hora de elegir las accesiones provenientes de cada cluster, el porcentaje de cada var. bot. dentro de la CNM fue estadísticamente similar al observado en la CMIM ( $\chi^2$  para homogeneidad:  $p=0.9815$ , datos no mostrados). Respecto de la composición por zona de origen de las accesiones en la CNM (datos no mostrados), 83% provienen del área de origen del maní (Bolivia, Argentina, Paraguay, Brasil, Uruguay, Perú y Ecuador). Asia es el siguiente genocentro en importancia, aportando 7% de las accesiones a la CNM. El restante 10% se divide entre Norteamérica, Africa y Europa. Esta distribución no fue estadísticamente diferente de la observada en la CMIM ( $\chi^2$  para homogeneidad:  $p=0.99$ , datos no mostrados). Bolivia es el país más representado en ambas Colecciones (CMIM y CNM), con 21% y 25% accesiones, respectivamente.

Al comparar las estadísticas descriptivas de CMIM y CNM, pudo observarse que ambas tienen media significativamente diferente solo en la variable Granos x fruto. Los rangos de los descriptores para CNM fueron ligeramente menores a los de CMIM (lo cual era esperable porque si bien se intenta mantener la variabilidad, va a estar incluida en la de la CMIM). La variabilidad observada en la CNM fue similar a la CMIM en 7 de los 17 descriptores (Tabla 2). En los otros 10 descriptores, la variabilidad observada fue mayor en la CNM, probablemente debida a que en general los valores promedios observados en la CNM fueron levemente menores que al de la CMIM, por ello las medidas de variabilidad se ven incrementadas. Claramente la selección de las accesiones elegidas por el método propuesto no afectó la media de los descriptores, al tiempo que no se redujo la variabilidad de los mismos, ya sea esta expresada como varianza, rango o CV. Puede entonces afirmarse que la Colección Núcleo de Maní (CNM) constituida en el INTA Manfredi tiene una alta probabilidad de contener los potenciales caracteres útiles que poseería la Colección de Maní de INTA Manfredi. La evaluación patológica de la CNM se encuentra en etapas iniciales.

Variedad botánica	CMIM	CNM
<i>fastigiata</i>	1017 (43%)	56 (43%)
<i>peruviana</i>	259 (11%)	19 (15%)
<i>aequatoriana</i>	223 (9%)	10 (8%)
<i>vulgaris</i>	154 (6%)	9 (7%)
<i>hypogaea</i>	718 (30%)	32 (24%)
<i>hirsuta</i>	5 (0.21%)	5 (4%)
TOTAL	2376	131

DESCRITORES	MEDIAS				VARIANCIAS				CV (%)		RANGO	
	CMIM	CNM	p-value	SIG	CMIM	CNM	p-value	SIG	CMIM	CNM	CMIM	CNM
LargoFolículo	5,91	5,89	0,8267	NS	1	1,46	0,0008	S	16,94	20,57	2,67 - 10,1	2,8 - 39,2
<b>AnchoFolículo</b>	<b>3</b>	<b>2,98</b>	<b>0,5922</b>	<b>NS</b>	<b>0,2</b>	<b>0,25</b>	<b>0,0914</b>	<b>NS</b>	<b>14,98</b>	<b>16,74</b>	<b>1,32 - 5,26</b>	<b>2 - 4,8</b>
LargoFruto	3,17	3,24	0,3204	NS	0,4	0,8	<0,0001	S	19,83	27,2	1,5 - 6,7	1,9 - 6
<b>AnchoFruto</b>	<b>1,39</b>	<b>1,38</b>	<b>0,7415</b>	<b>NS</b>	<b>0,03</b>	<b>0,05</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>S</b>	<b>13,35</b>	<b>16,34</b>	<b>0,8 - 2,03</b>	<b>0,9 - 1,93</b>
LargoSemilla	1,41	1,4	0,7005	NS	0,07	0,1	<0,0001	S	18,18	23,04	0,8 - 2,8	0,85 - 2,26
AnchoSemilla	0,91	0,91	0,4624	NS	0,01	0,02	0,0049	S	11,14	15,38	0,6 - 1,97	0,66 - 1,9
<b>Peso100semillas</b>	<b>57,39</b>	<b>55,7</b>	<b>0,392</b>	<b>NS</b>	<b>450,63</b>	<b>581,12</b>	<b>0,0505</b>	<b>NS</b>	<b>36,99</b>	<b>43,43</b>	<b>19 - 136</b>	<b>23 - 134</b>
FormaFolículo	7,67	7,82	0,4445	NS	5,6	5,76	0,7060	NS	30,87	30,27	1 - 13	5 - 13
Porte	4,54	4,46	0,6032	NS	3,43	3,73	0,4344	NS	40,76	43,23	1 - 7	1 - 7
Eje	1,7	1,77	0,113	NS	0,33	0,34	0,6909	NS	33,8	33,22	1 - 3	1 - 3
Tamaño	3,42	3,26	0,089	NS	0,84	1,2	0,0004	S	26,78	33,44	1 - 5	1 - 5
Granos x fruto	2,53	2,68	0,0005	SIG	0,28	0,35	0,0036	S	21,05	21,9	1 - 4	2 - 4
Pico	2,34	2,28	0,4883	NS	1,05	1,33	0,0332	S	43,67	50,29	1 - 5	1 - 5
Constricción	2,46	2,36	0,1778	NS	0,74	0,82	0,3909	NS	34,96	38,15	1 - 5	1 - 5
Reticulado	2,33	2,39	0,5611	NS	0,8	1,25	<0,0001	S	38,39	46,81	1 - 5	1 - 5
Score Viruela	3,27	3,26	0,9627	NS	0,88	1,07	0,0425	S	28,78	31,55	0,41 - 5	0,64 - 4,95
Ciclo	2,33	2,36	0,5954	NS	0,62	0,7	0,1435	NS	33,96	35,97	1 - 3	1 - 3

**Descriptores en negrita no participaron en el Análisis de Conglomerados**  
Diferencias entre medias de CMIM y CNM evaluadas con t-test. Diferencias entre variancias evaluadas con Test F.

## Conclusiones

Colección Núcleo de Maní del INTA Manfredi (CNM) mostró un origen similar (tanto en lo taxonómico como en lo geográfico) al de la Colección de origen (CMIM). Las medias de los descriptores fueron similares entre ambas Colecciones. La CNM exhibió además una adecuada variabilidad en todos los descriptores. Estas características cumplen acabadamente con los que usualmente se requiere de una Colección Núcleo: 1- proviene de una Colección grande (CMIM) para ser manejada y/o utilizada, 2-tiene un tamaño relativamente reducido (que le permite ser regenerado y evaluada con recursos limitados), 3-es muestra representativa de la Colección de la que deriva y finalmente 4- es diversa.