



MEMORÁNDUM

FECHA: 16 de agosto de 2024

DE: María Francisca Perera

PARA: Hernán Salas - DATA y Atilio P. Castagnaro - Director ITANOA

ASUNTO: Asistencia al “31th Meeting of the International Consortium for Sugarcane Biotechnology y al 13th Germplasm & Breeding y 10th Molecular Biology Workshop”.

Me dirijo a usted y por su intermedio a quien corresponda con el objeto de informar sobre la participación en el “31th Meeting of the International Consortium for Sugarcane Biotechnology (ICSB) y en el 13th Germplasm & Breeding y 10th Molecular Biology Workshop”, organizado por la ISSCT, en Coimbatore, India.

Aprovecho la oportunidad para agradecer infinitamente por la posibilidad de participar de ambos eventos representando a nuestra institución, y por el aporte económico no sólo de la EEAOC, sino también de SATCA e ISSCT.

El presente informe se encuentra dividido según la participación en cada uno de los dos eventos.

Sin otro particular, lo saludo cordialmente.

Dra. María Francisca Perera
Sección Biotecnología



Meeting del ICSB

La reunión del International Consortium for Sugarcane Biotechnology (ICSB) tuvo lugar el domingo 07 de julio, en las instalaciones del Hotel Residency Tower.

El cronograma incluyó los siguientes aspectos:

-Palabras de bienvenida a cargo del secretario del ICSB, Dr. German Serino.

-Presentación de todos los participantes:

- **Germán Serino**, Chacra Experimental Colonia Santa Rosa, Salta, Argentina;
- **Andrew Stoute** y **Sharon Wyatt**, West Indies Central Sugar Cane Breeding Station, Barbados;
- **Mike Butterfield** y **Brennan Hyden**, Centro de Tecnología Canaviera (CTC), Brasil;
- **Angelique D'Hont**, **Olivier Garsmeur** y **Simón Río**, CIRAD, Francia;
- **Shailesh Vinay Joshi** y **Sandy Snyman**, SASRI, Sudáfrica;
- **George Piperidis** y **Natalie Piperidis**, Sugar Research Australia;
- **M Francisca Perera**, EEAOC, Argentina.

-Revisión del acta de la reunión anterior que tuvo lugar los días 25 y 26 de febrero del 2023, en Vasantdada Sugar Institute (VSI) en la ciudad de Pune, India.

-Situación financiera y cambios en la cuenta bancaria, a cargo de G. Serino, preparada por Atticus Finger, quien se desempeña como tesorero, hasta tanto se defina otra persona para el cargo.

La EEAOC pagó la cuota anual 2021, sin embargo, no impactó en la cuenta del ICSB. Debido a que es una cuenta pequeña inmersa en una cuenta internacional, varios miembros tuvieron inconvenientes con el pago. Atticus intentará modificar la cuenta bancaria para evitar futuros problemas, debe averiguar si American Sugar Cane League puede disponer de una cuenta en un banco internacional y no en uno local.

Solicitaremos las facturas de la membresía (2022, 2023 y 2024) de la EEAOC, cuando finalmente se resuelva el problema con la cuenta. Se espera que esté definido a fin de este año, momento en el que deberían enviar un reporte de cuentas a todos los miembros.

-Reporte del ICSB Proyecto No. 40: "Genome assembly of brown (*Puccinia melanocephala*), orange (*Puccinia kuehnii*), and tawny (*Macruropyxis fulva*) sugarcane rust pathogens", a cargo de F. Aguilar (CENICAÑA, Colombia), conectado virtualmente.

El proyecto propuso secuenciar dos aislados de *P. kuehnii*, uno de *P. melanocephala* y uno de *Macruropyxis fulva* y comenzó en septiembre de 2023. Al momento disponen de 500 mg y 50 mg de esporas de *P. kuehnii*, 500 mg de *P. melanocephala* y S. Snyman debe enviar esporas de *Macruropyxis fulva*.

Comenzaron ajustando la extracción de ADN sobre poblaciones de esporas colectadas de campo. Sin embargo, no lograron obtener ADN de cultivos puros, probablemente por la interrupción incompleta de la pared celular. Los resultados de la secuenciación del ADN obtenido de la mezcla indicaron que sólo el 15% de las secuencias corresponden a *Puccinia*.

A pesar de no financiar este proyecto, gentilmente ofrecimos colaboración considerando nuestra experiencia en fitopatógenos fúngicos. Al momento, ya compartimos protocolos (publicados) y mantuvimos una reunión para indicar sugerencias.



-Reporte del proyecto No. 38 del ICSB, a cargo de G. Serino: “Validation of a candidate gene for the *Bru1* brown resistance gene via CRISPR mediated gene knockout”.

Si bien este proyecto no fue financiado por la EEAOC, se pudo presenciar la exposición de los resultados informados en la reunión.

Los investigadores obtuvieron 61 eventos potencialmente editados, los resultados de la secuenciación indicaron que solo dos eventos estaban mutados, uno de ellos en un sitio diferente de la secuencia blanco. El evento con la mutación en el sitio deseado, tiene una deleción de una única base que altera el marco de lectura.

Evaluaron el comportamiento fenotípico, esperando que se comporte como susceptible a la roya marrón, sin embargo, ambos eventos fueron resistentes, por lo que aún no lograron “knockear” el gen *Bru1*.

Un control transformado, se comportó como susceptible, pero al no tener presente los marcadores diagnóstico del gen, puede haberse perdido completamente el gen. Los investigadores deben revisar cómo redirigir la investigación a fin de lograr los resultados esperados.

-Reporte del ICSB Proyecto No. 37, Simon Río: “Investigation of genome structure, diversity and phylogenetic relationship of *Saccharum* species, and the part of this diversity already incorporated in modern cultivars”.

Este proyecto fue financiado por la EEAOC con un aporte de dos mil dólares (aún no han sido transferidos). El presupuesto del proyecto se destinó a la preparación de las muestras y los análisis bioinformáticos de los datos generados ya que la secuenciación fue financiada con un proyecto previo con Joint Genomic Institute (JGI, USA).

Se caracterizaron en primer lugar 300 genotipos aportados por todos los miembros del ICSB (la EEAOC envió muestras de hojas de 16 genotipos, incluyendo las variedades liberadas por el programa de mejoramiento genético y algunos genotipos ancestrales). Todas las muestras fueron genotipadas con tres marcadores SSR (CV29, CV37 y CV38, propuestos por Maccheroni *et al.*, 2007). En los análisis de similitud, muestras de diferentes orígenes del mismo genotipo no se agruparon juntas.

Los resultados de los SSR se utilizaron para definir los genotipos a secuenciar. Se logró una elevada cobertura del genoma con 15X de profundidad y una longitud de 40 Tb. Los autores encontraron una elevada diversidad en *S. spontaneum*, ligada principalmente a las distancias geográficas de las muestras colectadas. En *S. robustum* se detectó una baja diversidad genética, probablemente asociada al reducido número de accesiones secuenciadas, mientras que en *S. officinarum* se encontró una marcada homogeneidad entre las accesiones. Si bien detectaron *k*-mers (subcadenas de longitud *k* contenidas dentro de una secuencia biológica) específicas para cada subgrupo, muchos estuvieron repetidos entre *S. officinarum* y *S. robustum*, por lo que sugieren que *S. officinarum* proviene de *S. robustum*.

Los autores desarrollaron una metodología que permite inferir la mezcla en genomas poliploides mixtos (Admix poly R). Cuanto mayor es el número de alelos por locus, mejora la precisión para la estimación en genomas poliploides. Confirmaron la contribución al genoma de los híbridos modernos en la siguiente proporción: 78% de *S. officinarum* y 22% de *S. spontaneum*, con un 18% del total representado por cromosomas recombinantes entre ambas especies y detectaron, inesperadamente una pequeña contribución en el origen de un grupo sin identificar del Pacífico en la mayoría de los cultivares modernos.

Los paquetes estadísticos estarán disponibles a la brevedad como así también las tres publicaciones internacionales con los resultados presentados.



-Reporte del ICSB Project No. 39, O. Garsmeur: “Upgrading the Sugarcane genome hub with the New Sugarcane Genome Assemblies and with New Tools”.

Los resultados del proyecto arriba indicado fueron volcados en un portal de acceso libre que permite emplear diferentes herramientas bioinformáticas. Los responsables del proyecto brindaron un taller virtual (26/04/2024) para los miembros del ICSB para enseñar a usar las herramientas disponibles.

En el portal (<https://sugarcane-genome.cirad.fr/>) se integra la información de 8 genomas (dos de *Erianthus*, dos de *S. spontaneum*, uno de *S. officinarum* y dos de cultivares: R570 y CC 01-1940) y puede incluir más a medida que se secuencien otros. Las diferencias en la anotación de los genomas, resulta en datos heterogéneos que han sido estandarizados para poder ser integrados.

Las herramientas disponibles permiten navegar en los cromosomas, obtener secuencias, visualizar anotaciones de genes, alinear secuenciar, evaluar sintenia, diseñar secuencias para edición génica.

-Presentación de nuevo proyecto a cargo de Simón Río: “Testing the efficiency of orange rust resistance alleles using KASP markers in ICSB breeding populations and characterizing the impact of genome architecture on recombination around these alleles”.

Considerando la importancia de la roya naranja (*P. kuehni*), que en variedades susceptibles puede ocasionar pérdidas de rendimiento de hasta un 26% y de contenido de fibra de hasta un 6%, los investigadores propusieron los siguientes objetivos:

*Caracterizar el desequilibrio de ligamiento en una población de cultivares modernos (provistos por los miembros que financien el proyecto) en términos de distancia física y en relación con el origen ancestral (*S. officinarum* vs *S. spontaneum*).

*Desarrollar marcadores KASP dirigidos a los alelos de resistencia a la roya naranjada identificados en el germoplasma y las condiciones de la Isla de la Reunión.

*Usando los marcadores KASP, evaluar si estos alelos de resistencia están presentes en los materiales de mejoramiento de los miembros del ICSB y, de ser así, si están asociados con la resistencia a la roya anaranjada en sus condiciones.

Sin embargo, teniendo en cuenta que, en nuestras condiciones no podremos fenotipar los genotipos en su comportamiento frente a *P. kuehni*, sugerimos no financiar este proyecto. El resto de los miembros, decidió financiar el proyecto con un aporte proporcional a las hectáreas plantadas. Aun así, no se alcanzó el monto presupuestado por lo que se decidió utilizar parte de los fondos del ICSB para que el proyecto pueda ejecutarse.

-Presentación de nuevo proyecto a cargo de K. Aitken, CSIRO-SRA, Australia (conectada virtualmente): “Assess to sugarcane 58K axiom breeding array and analysis of data generated across international breeding programs”.

El proyecto tiene como objetivo brindar a todos los participantes interesados, acceso a la matriz Affymetrix® Axiom® 58K SNP.

Esto permitirá evaluar su utilidad en germoplasma local, evaluando la frecuencia alélica, la estructura poblacional, la dispersión humana del germoplasma y posiblemente podrían identificarse los corredores comerciales del germoplasma de la caña de azúcar.

Al proporcionar datos fenotípicos de TCH, brix, comportamiento frente a carbón y otras enfermedades, podrían emplearse con los datos de secuenciación para conducir estudios de GWAS.

Merece destacarse que la matriz ha sido utilizada exitosamente en el programa de mejoramiento australiano para mapeo por asociación, mapeo biparental y selección genómica.

El proyecto tiene una duración de dos años y un presupuesto de U\$54.000. Considerando la importancia de evaluar esta matriz de secuenciación y habiendo consultado previamente a las



autoridades de la EEAOC, se sugirió aportar U\$ 2.000 (como mínimo) para participar del proyecto. Cuando se negocie definitivamente el precio del ensayo, de acuerdo al número de muestras, se determinará de acuerdo a los aportes de cada participante, cuantos genotipos puede secuenciar cada institución.

-Presentación de nuevos miembros:

Tres instituciones realizaron presentaciones sobre sus actividades a fin de que sean incorporados como miembros:

***Gunung Madu Plantations (GMP)**, Indonesia, a cargo de Endah Susiyanti y Rifky Nangsawan.

***Sugar Research Institute of Fiji**, a cargo de Amit Raj Singh.

***ICAR-SBI**, India a cargo de C. Appunu.

Se decidió por unanimidad que los tres sean incorporados como miembros del ICSB. También se consideró invitar a nuevos miembros como USDA (EEUU) y Thailand Sugarcane Research Center.

-Discusión sobre las próximas reuniones. Se destacó la importancia de participar en las reuniones anuales en forma presencial.

Se consideró pertinente realizar la próxima reunión a continuación de la XXXII edición del Congreso de la ISSCT en Colombia, en agosto de 2025.

-Otras discusiones:

Se necesita solucionar el tema de la página web. El CIRAD es el encargado de actualizarla, pero no disponen de tiempo suficiente.

Se decidió que los resultados de los proyectos estén disponibles para los miembros que no lo financiaron, dos años después de su finalización. De todos modos, no quedó definido que sucede cuando se emplean fondos del ICSB (que provienen del pago de membresías) para completar de financiar un proyecto y que, en ese caso, todos los miembros debieran acceder a los resultados.

Se sugiere revisar la constitución del ICSB, que indica que el aporte de los miembros para financiar los proyectos debe ser proporcional a las hectáreas plantadas bajo su influencia.



13th Germplasm & Breeding y 10th Molecular Biology Workshops

El mencionado Workshop se llevó a cabo durante la semana del 08 al 12 de julio de 2024, en Coimbatore, Tamil Nadu, India.

En India, hay dos regiones agroclimáticas bien diferenciadas donde se produce caña de azúcar, tropical y subtropical. La región tropical alberga alrededor del 45% de la superficie y aporta el 55% de la producción total de caña de azúcar del país. El crecimiento de la agricultura cañera en el país anfitrión, ha sido muy significativo. Según la Asociación de Ingenios Azucareros de la India, se produjeron 36 millones de toneladas de azúcar durante la temporada azucarera 2023-2024, a partir de un área productiva de 5,8 millones de hectáreas (Mha), con una productividad estimada en 84,0 t/ha. En la actualidad cuentan con 524 ingenios azucareros que operan en promedio 154 días al año. Merece destacarse que el 80% del área productiva se encuentra irrigada.

Actualmente, la industria azucarera india es la segunda industria agrícola más grande del país después de los textiles de algodón, con un impacto socioeconómico destacado. La industria azucarera contribuye significativamente a la economía rural ya que los ingenios azucareros están ubicados en las áreas rurales y brindan empleo a gran escala a esta población. La India es el segundo productor mundial de azúcar, aportando alrededor del 19% de la producción total.

En relación al workshop, las dos primeras jornadas se realizaron en el Hotel Resindency Towers, mientras que las tres jornadas restantes tuvieron lugar en las instalaciones del ICAR-SBI (Indian Council of Agricultural Research - Sugarcane Breeding Institute).

Asistieron participantes de 12 países: Argentina, Australia, Brasil, EEUU, Francia, Indonesia, Islas Fiji, Isla Reunión, Japón, Sudáfrica, Tailandia, además del país anfitrión.

El workshop estuvo organizado en: una conferencia plenaria, cinco sesiones de biología molecular y seis de mejoramiento, con un número variable de presentaciones en cada una de ellas. Además, hubo dos visitas a campo y dos sesiones de posters.

Mediante la participación en este workshop se pretendieron lograr cuatro objetivos: i) conocer las líneas de trabajo en mejoramiento genético y biotecnología de la caña de azúcar de las diferentes instituciones del mundo dedicadas a la investigación en este cultivo, ii) presentar los avances científicos y técnicos obtenidos por el programa de mejoramiento genético asociados a la implementación de herramientas biotecnológicas, iii) establecer contactos y afianzar relaciones con investigadores e instituciones dedicadas al mejoramiento genético y la biotecnología de este cultivo y iv) realizar tareas relacionadas a la sección de biología molecular de la ISSCT, de la cual quien suscribe, forma parte. A continuación, se detallan las actividades realizadas para cumplir cada uno de los objetivos planteados.

i) Resumen de los trabajos de investigación presentados por otras instituciones

En primer lugar, la Dra. G. Hemaprabha, directora del ICAR-SBI ofreció unas palabras de bienvenida. Su instituto lleva más de 100 años trabajando en caña de azúcar. Resaltó la importancia del desarrollo de cultivos resilientes, destacando los eventos transgénicos resistentes a plagas liberados comercialmente en Brasil como los avances en la generación de eventos tolerantes a sequía producidos en Indonesia. Mencionó la importancia del desarrollo de eventos tolerantes a sequía, especialmente para la India donde la edición génica resultaría una metodología más simple considerando las regulaciones de bioseguridad.

La conferencia plenaria se tituló: “The complex polyploid genome architecture of sugarcane genome assembly and origin of cultivar R570” (autores: **O Garsmeur**, N Pompidor, S Rio, T Durand, C Hervouet, A D’Hont, CIRAD, Francia y SRA, Australia).

El genoma de la variedad R570 está formado por 114 cromosomas, donde el 80% es aportado por *S. officinarum*, el 10% por *S. spontaneum* y el 10% es recombinante. El tamaño estimado es de 10 Gb. El genoma monoplíde tiene 10 cromosomas básicos.

El genoma fue secuenciado completamente con tres tecnologías diferentes, logrando una profundidad de 67X en los 10 grupos de homología (GH), cubriendo 5 Gb. Se produjo un colapso en la secuenciación por la cantidad de información duplicada, por lo que, de 12 copias, lograron ensamblar 6-7 copias por GH. Los haplotipos idénticos aportan 50% del genoma, principalmente de *S. officinarum*.

Por otro lado, secuenciaron 300 genotipos (alrededor de 200 representativos de la diversidad del género, 100 cultivares y 90 *S. spontaneum*) obteniendo secuencias de subcadenas de longitud k contenidas dentro de una secuencia biológica, denominadas K-mers. Identificaron los k-mers en los diferentes individuos, a fin de asignar similitud entre ellos y definir aquellos representativos de cada género. Detectaron mayor diversidad en *S. spontaneum* (ligada al origen geográfico) que en *S. officinarum*, confirmando la participación de *S. robustum* en la contribución del genoma de *S. officinarum* por los k-mers compartidos (Figura 1).

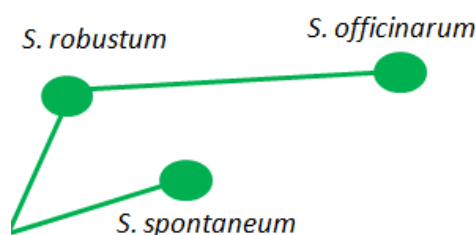


Figura 1: Esquema de origen de especies de *Saccharum*.

Se presentan seguidamente las sesiones, con los trabajos, autores (indicando en negritas el expositor), filiación y un breve resumen. Las cinco sesiones de biología molecular (MO) se detallan a continuación:

A) Sugarcane molecular genetic resources

MO1 Comparative analyses of sucrose phosphate synthase genes in the sugarcane hybrid and progenitor species through long read sequencing. **PT Prathima**, NV Nilanjana, A Afseena, PM Namrata (ICAR-SBI, India).

Los autores analizaron el transcriptoma de *S. officinarum* (Black Cheribon), *S. spontaneum* (accesión de Coimbatore) y de una variedad de alta azúcar, Co 11015. El análisis reveló isoformas comunes del gen sacarosa fosfato sintasa (SPS) entre los tres genotipos y formas únicas, indicando la posibilidad de seguir mejorando los híbridos modernos para este carácter.

MO2 Quantifying the contribution of *Saccharum* diversity to the genome of modern sugarcane cultivars using haplotypes from next-generation sequencing data. **S Rio**, T Mary-Huard, F Gauthier, O Garsmeur, A D’Hont (CIRAD, Francia).

Los autores desarrollaron una metodología que permite inferir la mezcla en genomas poliploides mixtos. La aproximación fue evaluada en un panel diverso de genotipos de *Saccharum*, empleado para entrenar al modelo, de modo de caracterizar el perfil de mezcla de genomas en los cultivares híbridos modernos.

Detectaron, inesperadamente una pequeña contribución en el origen de un grupo sin identificar del Pacífico en la mayoría de los cultivares modernos, que sugiere una pista interesante



para la búsqueda de alelos adaptativos. No se corresponde con *S. officinarum*, *S. robustum* ni *S. spontaneum*, probablemente una especie temprana en la evolución.

MO3 Revealing the predominance of *Saccharum spontaneum* alleles for orange rust resistance in sugarcane using genome-wide association. J Dijoux, S Rio, C Hervouet, O Garsmeur, L Barau, T Dumont, P Rott, A D'hont, **JY Hoarau** (ErCane, Isla Reunión y CIRAD, Francia).

Evaluaron el comportamiento frente a roya naranja de 568 híbridos interespecíficos del programa de mejoramiento de la Isla Reunión y realizaron estudios de mapeo por asociación. Encontraron cinco QTLs, originados en *S. spontaneum*, que en conjunto proveen una precisión de la predicción de 0,6 asociada a la resistencia al patógeno.

B) Sugarcane molecular genetic resources

MO4 The axiom sugarcane SNP array: how has it been used in the Australian breeding program? K Aitken, G Piperidis, S Bhuiyan, J Li, Y Sun, J Eglinton (presentado por **N. Piperidis**) (SRA, Australia).

En Australia diseñaron un array de SNP, capturando la diversidad fundamental que existe en todos los programas de mejoramiento, mediante secuenciación de un set de individuos empleados en el desarrollo de variedades. El array fue empleado exitosamente en GWAS, donde se identificaron QTLs de efecto mayor para resistencia a carbón y podredumbre roja; en poblaciones biparentales, y para selección genómica (azúcar recuperable y rendimiento de caña).

MO5 Development and integration of an SSR marker-based molecular identity database into Louisiana sugarcane breeding program. **YB Pan**, JR Todd, AL Hale, PM White Jr, L Lomax, SA Simpson (USDA-ARS, EEUU).

Un set de 114 SSR fue empleado para identificar genotipos y los resultados fueron volcados en una base de datos que facilita la identificación, asiste en el mejoramiento y asegura la fidelidad de los cruzamientos, entre otras aplicaciones.

MO6 The development of next generation sequencing and specific e-probes for pathogen diagnosis in sugarcane. **C Kaye**, S Sood, B Adhikari, M Irely (US Sugar, EEUU).

Evaluaron el dispositivo MinION con sondas específicamente diseñadas para detectar múltiples patógenos en una única muestra. Comprobaron su efectividad para la detección simultánea de cuatro virus.

C) Biotechnological interventions to develop climate resilient sugarcane varieties

MO7 Molecular diversity and population structure of the drought panel and identification of markers associated with drought tolerance in sugarcane. **HK Mahadeva Swamy**, G Hemaprabha, K Mohanraj, C Appunu, R Manimekalai, N Vinith, K Gopalareddy (ICAR-SBI, India).

Un panel de 82 individuos fue caracterizado con SSR y con 52 genes asociados a tolerancia a sequía. Los análisis revelaron seis subpoblaciones y 28 genes polimórficos entre individuos tolerantes y susceptibles.

MO8 Sugarcane drought transcriptome: A resource for high throughput discovery of functionally relevant SSRs and SNPs. **A Selvi**, R Manimekalai, PT Prathima, K Lakshmi, K Devakumar, R Vannish, VP Rabisha (ICAR-SBI, India).

Evaluaron el transcriptoma de individuos susceptibles y tolerantes a la sequía en condiciones de estrés hídrico. Identificaron SSR y SNPs en secuencias de genes de vías involucradas con la respuesta a sequía. Estos marcadores podrán ser útiles para explorar variaciones entre poblaciones de mejoramiento.



MO9 Chemical markers to develop climate resilient sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) varieties. **S Minori Uchimiya** (USDA, EEUU).

Los autores detectan marcadores químicos que pueden ser empleados en la selección temprana de individuos adaptados a condiciones climáticas extremas (sequía y heladas).

MO10 Overexpression of SsHP4 gene from wild species *Saccharum spontaneum* confers tolerance to multiple abiotic stresses in sugarcane. **C Appunu**, S Dharshini, L Ananda Lekshmi, T Swathi, R Arun Kumar, G Hemaprabha (ICAR-SBI, India).

Obtuvieron eventos transgénicos que sobreexpresan el gen de la fosfotransferasa 4 que contiene histidina (HP4) de *S. spontaneum*. Los eventos fueron sometidos a diferentes concentraciones de NaCl y déficit hídrico. Encontraron 23 eventos que luego de concluido el estrés aplicado mostraron daños reducidos a nivel de la membrana celular.

MO11 Drought tolerant sugarcane development via mutagenic breeding and genetic modification. **SJ Snyman**, RS Rutherford, MJ Koetle, M Masoabi, C van der Vyver (SASRI, Sudáfrica).

Los autores evaluaron diferentes estrategias para introducir tolerancia a sequía: transgénesis empleando diferentes genes, mutagénesis mediante EMS y epimutagénesis utilizando agentes demetilantes. Luego de ensayos de estrés seguidos de riego, se evaluaron diferentes caracteres morfo-fisiológicos que posibilitaron la identificación de genotipos tolerantes.

D) Genetic modification for novel trait integration

MO12 Scarabid-specific *Bacillus thuringiensis* crystal toxin Cry8 for development of white grub resistant transgenic sugarcane in India. **B Singaravelu**, GS Suresha, C Appunu, N Crickmore, C Shu, J Zhang, J Srikanth, K Hari, C Sankaranarayanan, P Mahesh, R Nirmala, M Om Prakash, KM Athira (ICAR-SBI, India).

El gusano blanco ocasiona pérdidas variables, que pueden alcanzar el 100%. Considerando que las medidas de control son ineficientes, identificaron genes en aislados de Bt con actividad contra la plaga. Los secuenciaron y expresaron la proteína recombinante, cuya efectividad fue comprobada.

MO13 A preliminary analysis of the genomic insertion sites in the transgenic sugarcane event QAB016. **G Serino**, AB Saavedra Pons (Chacra Experimental Colonia Santa Rosa, Argentina).

Los autores emplearon tres tecnologías diferentes (PacBio CCS y CLR e Illumina) para secuenciar el genoma de un evento transgénico resistente a glifosato. Identificaron 32 inserciones del transgen de tamaño indeterminado.

MO14 CRISPR-Cas9 editing of ferulate 5 hydrolase (f5h) in sugarcane to improve lignocellulosic saccharification efficiency. **K Lakshmi**, PT Prathima, E Karpagam (ICAR-SBI, India).

Los autores identificaron a la 5 hidroxilasa ferulato (F5H) como blanco potencial en la síntesis de las unidades de siringilo. Su secuencia fue utilizada para diseñar el ARN guía para edición génica. Actualmente disponen de eventos editados cuyo contenido de lignina ha sido reducido.

MO15 Vacuolar targeting of invertase inhibitors enhances sucrose accumulation in sugarcane. **GS Suresha**, S Swathi, P Malini, S Darshini, N Ashwin, PC Swathi, C Appunu, V Krishnapriya, R Valarmathi, HK Mahdevaswamy, K Hari (ICAR-SBI, India).



Obtuvieron eventos transgénicos que sobreexpresan inhibidores de invertasas, logrando la localización en vacuolas, pared celular y/o citoplasma de las enzimas. El contenido de sacarosa y los brix aumentaron 3% en los eventos transgénicos.

MO16 Deciphering the molecular mechanisms controlling tiller development in sugarcane to improve sugarcane plant architecture and yield through CRISPR/Cas9 mediated genome editing. **R Valarmathi**, P Vinoth, C Appunu, K Mohanraj, P Gandham, G Ariharasutharsan, A Malarvizhi, N Baisakh (ICAR-SBI, India).

Los autores combinaron herramientas de fenómica, proteómica y transcriptómica para analizar genotipos contrastantes en su capacidad para macollar, de India y EEUU. Identificaron genes responsables de la iniciación y desarrollo del macollaje. Estos genes fueron empleados para edición génica y algunos mutantes revelaron mejor macollaje y estructura.

E) **Biotechnology for disease resistance**

MO19 Targeted gene disruption of CfEPL1 of *Colletotrichum falcatum* reveals its multifaceted roles in growth and sugarcane-pathogen interaction. **KV Lakshana**, A Ramesh Sundar, NMR Ashwin, D Amala Mol, M Remya, P Malathi, R Viswanathan (ICAR-SBI, India).

Los autores lograron la deleción por recombinación homóloga del gen *EPL1* en el hongo a fin de dilucidar su función en la patogénesis. Los ensayos de patogenicidad demostraron que el elicitor era dispensable en la virulencia del patógeno.

MO20 Deciphering the molecular tool box of Sugarcane – *Colletotrichum falcatum* interaction– a prelude to engineer pathogen-derived resistance. A Ramesh Sundar, NMR Ashwin, Dharmaraj Amalamol, Kana Valiyaveetil **Lakshana**, M Remya, P Malathi, R Viswanathan (ICAR-SBI, India).

Los autores indicaron que la resistencia en plantas derivada del patógeno parece ser una opción factible para el manejo exitoso de la podredumbre roja, mediante el empleo de un sistema de vectores inducibles que porten genes elicitors de la defensa.

MO21 Strategies and progress at CTC to identify genes for sugarcane orange rust (*Puccinia keuhni*) resistance. **B Hyden**, Z Kocsisova, M Cia, Ta Mistura, F Correr, S Bajay, J Junior, C Hernandez García (CTC, EEUU y Brasil).

Identificaron alrededor de 200 genes que intervienen en la resistencia a roya naranja mediante GWAS, genómica comparativa y análisis transcriptómico. CTC utiliza métodos novedosos de edición génica, silenciamiento y sobreexpresión para lograr la integración efectiva de la resistencia a fin de comercializar rápidamente cultivares de alto rendimiento, resistentes a roya naranja.

Las seis sesiones de mejoramiento (BO) se detallan a continuación:

A) **Strategies and accomplishments in developing climate smart sugarcane**

BO1 Climate resilience of modern sugarcane varieties from India – success stories and lessons learnt. **G Hemaprabha** (ICAR-SBI, India).

El programa de mejoramiento de ICAR-SBI liberó 58 variedades para la región subtropical, mientras que para la región tropical liberó 33 variedades. Especialmente para esta región las variedades deben ser tolerantes a la sequía y salinidad. Para lograr estos objetivos se incluyeron nuevas fuentes de germoplasma, tales como *Erianthus* y *S. robustum*. Algunas variedades liberadas recientemente, superan las 105 tn/ha.



BO2 Exploring the resource efficiency for the development of climate smart sugarcane varieties through pre-breeding and molecular cytogenetic techniques. **VP Sobhakumari**, K Mohanraj (ICAR-SBI, India).

A fin de incorporar genes complejos para tolerancia/resistencia a estreses bióticos o abióticos y elevada producción de biomasa, explotan los recursos genéticos de *Erianthus* y *S. spontaneum*.

BO3 Genetic enhancement of sugarcane through cytoplasmic diversification. **S Adhini**, AK Pazhany, P Remadevi, MN Premachandran (ICAR-SBI, India).

Considerando que existe poca diversidad genética citoplasmática, sustituyeron el citoplasma de *S. officinarum* por el *S. spontaneum* o *Erianthus*. Estudian la identidad del citoplasma mediante secuenciación de genes del genoma mitocondrial y del cloroplasto, intentando conferir principalmente resistencia a podredumbre roja.

BO4 Collection, characterization and genetic diversity analysis of cold tolerant germplasm collected from the Eastern Himalayan state of Nagaland, India. P Govindaraj, **VA Amalraj** (ICAR-SBI, India).

A fin de identificar genotipos tolerantes al frío, colectan ejemplares en lugares extremos, anegados o sin irrigación, a diferentes altitudes, en las orillas de ríos. Verifican mediante marcadores moleculares y morfológicos la existencia de muestras duplicadas.

B) Pre-breeding for enhancing gene pool

BO5 Assessment of drought tolerant potential of prebred clones of *Saccharum* spp. **S Alarmelu**, S Sheelamary, R Arunkumar, S Vasantha, V Anusheela, S Mutharasu, M Karthick, S Amburose (ICAR-SBI, India).

Realizan ensayos en condiciones de sequía y con irrigación de clones en etapas tempranas de selección, evaluaron 21 parámetros para identificar aquellos de mejor comportamiento. La depresión de la temperatura de la canopia es una de las características más importantes para la selección de individuos tolerantes a la sequía.

BO6 Drought tolerance evaluation of *Saccharum* species and interspecific hybrids in tropical India. **R Gomathi**, S Venkataramana (ICAR-SBI, India).

Evaluaron diferentes parámetros fisiológicos a fin de detectar genotipos multi tolerantes, especialmente a sequía y salinidad, identificando numerosos individuos con variabilidad en sus atributos para ser empleados en mejoramiento.

BO7 Evaluation of BC2 hybrids involving *Erianthus procerus* for drought tolerance and red rot resistance. **K Mohanraj**, NV Nair, HK Mahadeva Swamy, A Suganya, A Ramesh Sundar (ICAR-SBI, India).

Evaluaron genotipos híbridos obtenidos por backcross con *Erianthus* e identifican clones con base genética del mencionado progenitor, resistentes a diferentes estreses.

BO8 Root characteristics of intergeneric hybrids between *Saccharum* spp. hybrid and *Erianthus arundinaceus*. **Y Terajima**, S Irei, T Naito, A Sugimoto (Jircas, Japón).

A fin de ampliar la base genética y mejorar el sistema radicular se generaron híbridos interespecíficos entre *Saccharum* spp. y *Erianthus*. Evaluaron diferentes parámetros de la raíz, demostrando que un carácter distintivo es el ángulo de crecimiento de la raíz. Existen antecedentes que demuestran que un mayor contenido de lignina se asocia con tolerancia a enfermedades y plagas, su determinación en el sistema radicular es novedosa.

BO9 Identification of salt tolerant sugarcane genotypes using morpho-physiological and ionic traits. **P Dhansu**, R Kumar, MR Meena, R Rana (ICAR-SBI, India).



Identificaron clones tolerantes al estrés salino mediante ensayos con irrigación de sales cloradas. Observaron que la relación Na/K se modifica de acuerdo al comportamiento tolerante o susceptible de los genotipos.

BO10 Improved sugar accumulating sugarcane genotypes as parents for population improvement. **M Swapna**, V Sreenivasa, S Kumar, S Kumar (ICAR-SBI, India).

Emplearon estrategias de mejoramiento convergente y ciclos de selección recurrente para incrementar la acumulación de azúcar. Alcanzaron valores de acumulación de azúcar del 23% y considerando que los ciclos de selección recurrente son extensos, intentaron acelerarlos con herramientas moleculares.

C) Strategies and accomplishments in developing climate smart sugarcane

BO11 Breeding sugarcane for cold tolerance in the southeastern USA. **AL Hale**, JR Todd, BS Baldwin, E Cebert, X Kuang (USDA, EEUU).

Los autores evaluaron clones en ambientes extremos (Alabama y Missisipi) a fin de seleccionar aquellos tolerantes al frío para emplearlos como progenitores.

BO12 Identification of stable performer high yield and quality accrual sugarcane genotypes for subtropical India using various stability statistics. **R Kumar**, M Ram Meena, P Dhansu, M Lal Chhabra (ICAR-SBI, India).

Los investigadores desarrollaron variedades de alto rendimiento a través de ensayos multiambientales en regiones subtropicales de India.

BO13 Spread, scaling and sustainability of sugarcane varieties: the successful case of Co 86032 in tropical India. **D Puthira Prathap**, P Murali (ICAR-SBI, India).

El 70% de la producción mundial de azúcar está concentrada en China, Brasil, India y Tailandia. Los esfuerzos de ICAR-SBI en la distribución de material de alta calidad han ocupado un rol crucial en el mantenimiento de variedades elite, reduciendo el impacto de la degeneración varietal.

D) Sugarcane genetic resources

BO14 Internode borer (*Chilo sacchariphagus indicus*) resistance in sugarcane hybrids. **P Mahesh**, B Singaravelu, J Srikanth, KP Salin, K Chandran, B Mahendran, R Nirmala (ICAR-SBI, India).

Evaluaron 535 híbridos en su comportamiento frente a *Chilo sacchariphagus indicus*, determinado incidencia e intensidad de infestación. Los genotipos con comportamiento resistente fueron evaluados también en condiciones controladas y en ensayos de preferencia de oviposición. Encontraron que la longitud de la hoja y el grosor de la caña están positivamente correlacionados con la incidencia del barrenador, mientras que la concentración de compuestos fenólicos en los brotes juega un rol importante en la resistencia.

BO15 Distribution of smut disease resistance marker and brown rust disease resistance marker (Bru1) in sugarcane breeding materials of KARC/NARO. **Makoto Umeda**, Megumi Okubo, Taiichiro Hattori, Yusuke Tarumoto (KARC-NARO, Japón).

Evaluaron la presencia del marcador asociado al gen *Bru1* que confiere resistencia a roya marrón, detectando que es efectivo para indicar el comportamiento resistente de sus genotipos. Por otro lado, diseñaron cebadores (patentados) a partir de un QTL detectado asociado a la resistencia a carbón.



BO16 Navigating the road to red rot resistance: a journey from Co 213 to Co 0238 in Indian sugarcane cultivation. **Chandramani Raj**, Shweta Singh, Rahul K Tiwari, Sanjay Kumar Goswami, Dinesh Singh (ICAR-SBI, India).

Los autores presentaron evidencias de la evolución del patógeno que ocasiona la podredumbre roja (*C. falcatum*) y de las estrategias de manejo de la enfermedad. Así también la importancia de la resistencia como criterio de selección en el programa de mejoramiento.

BO17 Current challenges in breeding for disease resistance in sugarcane in India. **R Viswanathan** (ICAR-SBI, India).

Los principales problemas sanitarios en India que constituyen criterios para la selección de variedades son: podredumbre roja (*C. falcatum*), pokkah boeng (*Fusarium* spp.), marchitamiento (*Fusarium sacchari*), carbón (*Sporisorium scitamineum*), roya marrón (*Puccinia melanocephala*), mosaico (Sugarcane mosaic virus) y amarillamiento (Yellow leaf virus).

E) Classical and modern selection strategies for accelerated and precision breeding

BO18 Prediction of sucrose with portable NIR and cluster analysis. **JR Todd**, A H, PM White Jr (USDA, EEUU).

Los autores evaluaron un equipo portátil de NIR para medir en campo, sin destrucción de muestra, contenido de sacarosa y fibra. Es posible utilizar el equipo para predecir identidad, ajustando el modelo. Aún se requieren de calibraciones para ensayos de mejoramiento y variedades de campo.

BO19 Comparative Analysis of NIR techniques for sugar quality evaluation in sugarcane breeding programs. **CCF Filho**, LGC Castellani, MK Butterfield, DM Colatto, CN Oliveira, DE Cursi (CTC, Brasil).

Los autores compararon la eficiencia de dos metodologías para medir sacarosa, una en laboratorio y otra en campo mediante NIR portátil. Las mediciones en el sexto entrenudo utilizando el equipo portátil mostraron la correlación más alta con las mediciones en laboratorio (0,87 para Pol y 0,99 para Brix). Los resultados sugieren que el equipo portátil puede ayudar efectivamente en la selección de clones en etapas tempranas del programa de mejoramiento.

BO20 Unmanned aerial vehicle based high-throughput phenotyping in sugarcane for precise and accurate variety characterization. **W Burnquist** (Boyd Biotech, Brasil).

Genotipos de programas de mejoramiento de distintos orígenes son evaluados en ensayos multiambientales a lo largo de la región cañera de Brasil. Los genotipos son caracterizados utilizando equipos que generan imágenes a intervalos regulares permitiendo la colecta de datos a través del tiempo con alta precisión.

BO21 Optimum backcross generations to select parents for sugarcane breeding from a wild germplasm pre-breeding program. **M Zhou** (SASRI, Sudáfrica).

La introgresión incorpora genes de germoplasma salvaje en poblaciones para incrementar vigor, macollaje y adaptabilidad. Las poblaciones BC2 y BC3 fueron las óptimas para seleccionar clones para futuros usos como progenitores en mejoramiento.

BO24 Pollen viability study in sugarcane for development of improved progenies. **S Rajeswari**, K Shanmugasundaram, P Bharathi, S Parthiban, J Ramachandran, MKC. Varatharaj, A Madhusudhan (Parry, India).

Identificaron los progenitores masculinos a través de ensayos de germinación de polen para desarrollar progenies de alta azúcar. Aquellos genotipos con fertilidad del polen superior al 80% constituyen la base para su programa de mejoramiento, incluyendo *Erianthus* y *S. spontaneum*.



F) Sugarcane genetic resources

BO26 Update and progress on Fiji sugarcane genetic research and future directions. **AR Singh**, SS Hassan (Sugar Research Institute of Fiji, Islas Fiji).

Los investigadores se encuentran realizando la caracterización morfológica y determinando caracteres bioquímicos de genotipos importados a fin de incorporarlos a su esquema de mejora.

Además, se realizaron dos visitas a campo.

A) Visita al National Distant Hybridization Facility, Agali, Kerala

El día miércoles se visitaron las instalaciones de hibridación del Centro de Investigación Agali del ICAR-SBI (Figura 2). El Centro entró en funcionamiento en 1999 y se encuentra a unos 45 km del instituto principal en Coimbatore. Alberga los clones parentales empleados en el programa de mejoramiento.

Alrededor de 1500 genotipos de especies como *S. officinarum*, *S. barberi*, *S. sinense*, *S. edule*, especies silvestres como *S. robustum*, *S. spontaneum*, géneros afines como *Erianthus arundinaceus*, *E. bengalensis*, *E. elephantinus*, *E. procerus*, *E. ravennae*, *Narenga porphyrocoma*, *Neyraudia arundinacea*, *Sclerostachya fusca*, híbridos interespecíficos e intergenéricos, variedades liberadas Co, híbridos extranjeros, se mantienen clonalmente en el Centro.

Ese mismo día, en las instalaciones del ICAR-SBI en Coimbatore, se visitaron el laboratorio de Biotecnología y el museo del instituto, que resume las actividades que realizan a fin de mejorar la agroindustria azucarera del país.

B) Visita a campos de ICAR-SBI, Coimbatore

El día jueves se realizó una visita a los campos del ICAR-SBI. En primer lugar, se visitó la colección de germoplasma donde cada genotipo está representado individualmente (Figura 3) y luego los ensayos comparativos de variedades (Figura 4).



ESTACIÓN EXPERIMENTAL
AGROINDUSTRIAL
OBISPO COLOMBRES
Tucumán | Argentina



Figura 2: Composición de imágenes del Centro de Investigación Agali del ICAR-SBI.



ESTACIÓN EXPERIMENTAL
AGROINDUSTRIAL
OBISPO COLOMBRES
Tucumán | Argentina



Figura 3: Composición de imágenes de la colección de germoplasma en ICAR-SBI, Coimbatore.



Figura 4: Composición de imágenes de ensayos de variedades en campos experimentales de ICAR-SBI, Coimbatore.

Los trabajos presentados en formato de póster en mejoramiento (BP) y biología molecular (MP) se detallan a continuación en el Cuadro 1. Cada área tuvo un día asignado para la sesión de posters.

Cuadro 1: Trabajos presentados en modalidad póster en mejoramiento (BP) y biología molecular (MP).

Código	Título	Autores	Filiación, país
BP1	Elucidating the G X E interaction using AMMI, AMMI stability parameters and GGE for cane yield and quality in sugarcane	Durai, R. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP2	Unveiling the potential of sugarcane genotypes across diverse growing environments through multi-trait stability analysis	Appunu, C. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India



BP3	Variability in plant architecture and morpho-physiological traits in sugarcane for better productivity in tropical condition	Arun Kumar, G. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP4	Studies on ratooning potential of interspecific and intergeneric hybrids of <i>Saccharum</i> spp.	Elayaraja, K. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP5	Agronomic performance of sugarcane genotypes under different fertilizer levels in peninsular zone of India	Geetha, P. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP6	Occurrence of false floral smut in the world's largest sugarcane germplasm	Gopi, R. <i>et al</i>	ICAR-SBI e ICAR-IISR, India
BP7	Latitudinal displacement and flowering in recent <i>Saccharum spontaneum</i> germplasm collections conserved ex-situ under Coimbatore condition, Tamil Nadu, India	Karthigeyan, S. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP8	Efficient and economical way of delivering agro-inputs for improved resource use efficiency in sugarcane	Malathi, P. <i>et al</i>	ICAR-SBI e ICAR-IISR, India
BP9	Exploring multivariate stability models for deciphering the G X E interaction for cane yield and quality traits in subtropical climates	Meena, MR. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP10	Development of high-yielding variety "Harunoogi" and the suitability for laborsaving cultivation	Megumi, O. <i>et al</i>	KARC-NARO, Japón
BP11	Breeding for sugarcane versus energycane	Sandhu, H. <i>et al</i>	USDA, EEUU
BP12	Multiple stress tolerant parental clones for use in sugarcane breeding programmes in India	Shanthi, R.M. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP13	Characterization of wild sugarcane (<i>Saccharum spontaneum</i> l.) germplasm conserved in the field genebank in India and development of core collection	Sheelamary, S. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
BP14	Assessment of genetic diversity and relatedness of sugarcane cultivars in Thailand collection	Srithawong, S. <i>et al</i>	Department of Agriculture, Tailandia
BP15	Flow cytometric ploidy analysis of <i>Erianthus arundinaceus</i> (retz.) Jeswiet with different chromosome number	Suganya A, Lavanya S.	ICAR-SBI, India
MP01	Exploring the genetic variability for water use efficiency in sugarcane cultivars	Devakumar, K. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
MP02	Identification and characterization of novel homeodomain leucine zipper-1 (Hdlz1) transcription factor associated with drought tolerance in sugarcane interspecific hybrid	Lakshmi, K. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India
MP03	A genome-wide association study and genomic prediction for yield-related traits in a self-progeny mapping population of LCP 85-384 sugarcane	Pan, Y-B. <i>et al</i>	USDA, EEUU
MP04	Towards low GI sugarcane: identification and characterization of genes for novel low glycaemic sugars	Prathima, P.T. <i>et al</i>	ICAR-SBI, India



MP06	SNP detection using Restriction site Associated DNA Sequencing (RAD-Seq.) for Sugarcane breeding program	Weerakorn, S. <i>et al</i>	Department of Agriculture, Tailandia
MP07	An <i>in vitro</i> screening pipeline for insect resistant and herbicide tolerant genetically modified sugarcane plants	Snyman S.J., <i>et al</i>	SASRI, Sudáfrica

ii) Presentación de trabajo de la EEAOC

La EEAOC presentó el trabajo titulado “Effective implementation of molecular tools in the EEAOC’s sugarcane breeding program” (MP05) cuyos autores son: Racedo, J.*; Perera, M.F.*; Noguera, A.S.; Castagnaro, A.P.; Ostengo, S., en modalidad poster (*ambas autoras contribuyeron en igual medida) (Figura 5).

La presentación del trabajo generó un importante espacio de discusión con la formulación de numerosas preguntas, que denotan el interés sobre las diferentes herramientas presentadas. Asimismo, se resaltó que se están abordando todas las herramientas moleculares disponibles para asistir al programa de mejoramiento, incrementando su eficiencia.

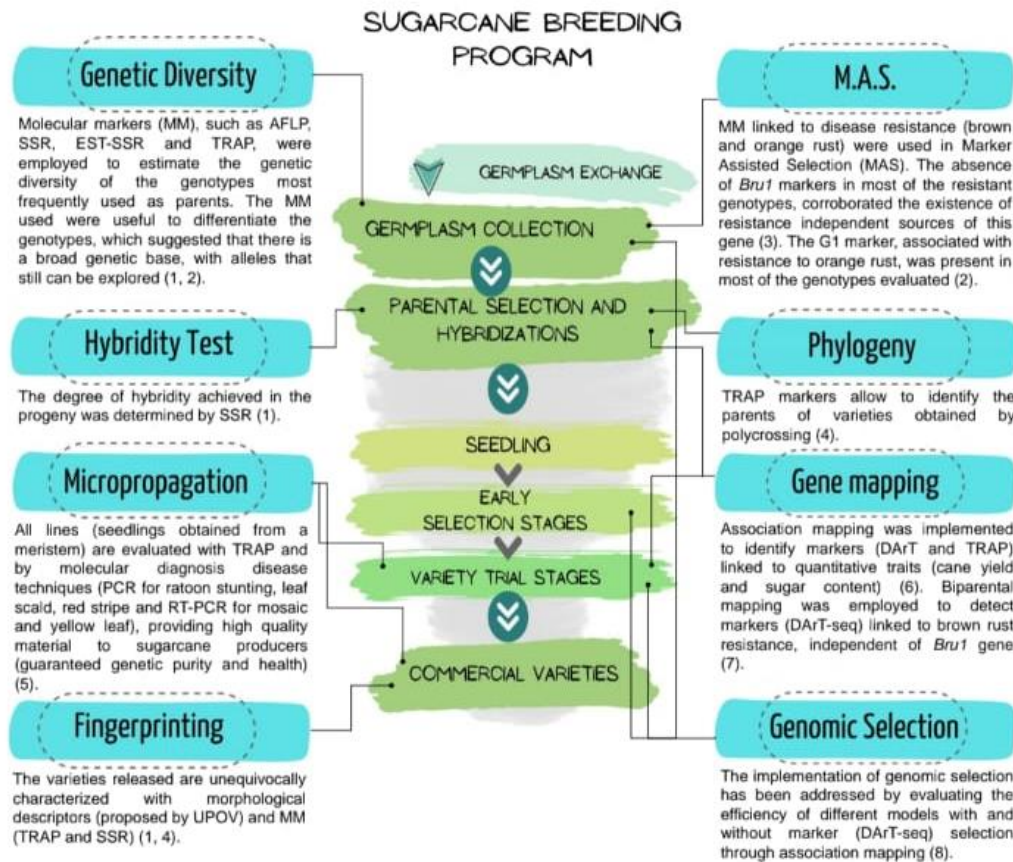
EFFECTIVE IMPLEMENTATION OF MOLECULAR TOOLS IN THE EEAOC'S SUGARCANE BREEDING PROGRAM

RACEDO, J.*; PERERA, M.F.*; NOGUERA, A.S.; CASTAGNARO, A.P. and OSTENGO, S.

Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur. Av. William Cross 3150. Las Talitas, Tucumán, R. Argentina, T4101XAC.

*Both authors equally contributed to this work.

e-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar



CONCLUSION

All these biotechnological tools applied at different stages of the sugarcane breeding program made the process more efficient, since they provide precision and/or reduce the time required to advance in the scheme process.

REFERENCES

- 1- Perera *et al.* 2012a. *Euphytica*. DOI: 10.1007/
- 2- Perera *et al.* 2023. *PlosOne*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0280000>
- 3- Racado *et al.* 2013. *Euphytica* 191: 429-436.
- 4- Perera *et al.* 2020. *RIAT* 97(2): 51-55.
- 5- Racado *et al.* 2023. *Plants*. <https://doi.org/10.3390/plants12010001>
- 6- Racado *et al.* 2016. *BMC Plant Biology*. 16: 1-10.
- 7- Chaves *et al.* 2022. *Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1093/aob/plab300>
- 8- Racado *et al.* 2023. *ISSCT Proceedings* 31: 7-10.

Figura 5: Imagen del poster presentado por la EEAOC en la sesión de biología molecular.





iii) Contactos

Durante este evento se fortalecieron contactos con el propósito y el compromiso de mantener un vínculo de colaboración (Figura 6). Entre ellos se destacan:

- “Mauritius Sugarcane Industry Research Institute” (MSIRI), Mauricio:
Goolam Houssem Mohammad Badaloo (mejoramiento).
- “Chacra Experimental Colonia Santa Rosa”, Salta, Argentina:
Germán Serino (mejoramiento y biotecnología).
- “West Indies Central Sugar Cane Breeding Station”, Barbados
Andrew Stoute (mejoramiento).
- Centro de Tecnología Canaviera (CTC), Brasil
Danilo Cursi (mejoramiento).
Mike Butterfield (biotecnología).
- “CIRAD”, Francia.
Angelique D’Hont (biología molecular).
Phillip Rott (fitopatología).
- “ErCane”, Isla Reunión.
Jean-Yves Hoarau (mejoramiento).
- “SASRI”, Sudáfrica.
Shailesh Vinay Joshi (biotecnología).
Sandy Snimman (biotecnología).

Asimismo, se generaron nuevos vínculos con:

- “West Indies Central Sugar Cane Breeding Station”, Barbados
Sharon Wyatt (mejoramiento).
- Centro de Tecnología Canaviera (CTC), Brasil
Brennan Hyden (biotecnología).
- “CIRAD”, Francia.
Olivier Garsmeur (biología molecular).
Simón Río (biología molecular).
- “ErCane”, Isla Reunión.
Thomas Dumont (mejoramiento).
- Jircas, Japón.
Yoshifumi Terajima (mejoramiento).
- USDA, Estados Unidos.
Anna Hale (mejoramiento)
James Todd (mejoramiento)
- Sugar Research Australia.
George Piperidis (mejoramiento)
- Boyd Biotech Do Brasil Ltda
William Burnquist (mejoramiento)
- US Sugar, EEUU.
Claudia Kayes (fitopatología)
- ICAR-SBI, India
C. Appunu (biotecnología)
- Parry, India
S. Rajeswari (mejoramiento)
- Gunung Madu Plantations (GMP), Indonesia
Endah Susiyanti (mejoramiento)
Rifky Nangsawan (mejoramiento)



- Sugar Research Institute of Fiji, Islas Fiji
AR Singh (mejoramiento)

Merecen destacarse las siguientes gestiones:

El **Dr. G. Piperidis (SRA)**, expresó su interés por recibir las variedades TUC, sugirió asimismo que se podría firmar un MTA para introducir en el PMGCA de la EEAOC las variedades Q. Las mismas se encuentran en la Chacra Colonia Santa Rosa, habiendo sido sometidas a medidas cuarentenarias, por lo que su incorporación podría ser sencilla.

El **Dr. W. Burnquist (Boyd)** se mostró especialmente interesado en recibir las variedades TUC y clones promisorios del PMGCA de la EEAOC para hacerlos participar de la “copa de variedades”, fundamentalmente luego de conversar sobre el diferente pool de alelos de nuestras variedades respecto a las brasileras.

La **Dra. S. Snyman (SASRI)** gentilmente brindó asesoramiento sobre ensayos de fenotipado de resistencia a plagas en condiciones *in vitro*, cediéndonos varios artículos y arbitrando los medios para una reunión virtual con su equipo.

El **Dr. C. Appunu (ICAR-SBI)** destacó la posibilidad de colaboración en transgénesis, ya que disponen de numerosos genes y promotores cuya efectividad debe ser evaluada para el control de lepidópteros.

La **Dra. C. Kayes (US Sugar)** mencionó como oportunidad el desarrollo conjunto de sondas para la detección simultánea de fitopatógenos bacterianos y fúngicos con la tecnología MinION.

Con la **Dra. A. Hale (USDA)** se evaluó la posibilidad de realizar una nueva introducción de genotipos que han desarrollado recientemente de muy buen comportamiento frente a heladas.



Figura 6: Imágenes de los contactos establecidos o fortalecidos durante el Workshop.

iv) Tareas relacionadas a la sección de biología molecular de la ISSCT

Como miembro de la sección de biología molecular dentro de la comisión de biología de la ISSCT, previo al workshop participé en la revisión de resúmenes. Durante el workshop, moderé la sesión denominada **Biotechnology for disease resistance**, presentando a los expositores y organizando la ronda de preguntas.

También evalué el rigor, la novedad, la claridad y los recursos empleados para la exposición de los 19 trabajos presentados en modalidad oral a fin de seleccionar el mejor trabajo. Luego de completar una planilla asignando puntaje a diferentes ítems a fin de lograr una evaluación cuantitativa de cada trabajo y comparar con las evaluaciones realizadas por el resto de los miembros de la sección, se seleccionó el trabajo titulado "Quantifying the contribution of *Saccharum* diversity to the genome of modern sugarcane cultivars using haplotypes from next-generation sequencing data" presentado por Simón Río de CIRAD.