

(Formerly MENDELIANA)



September 2024  
Volume XXXV  
Issue 1 (suppl.)  
E-ISNN: 1852-6233

# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics



Journal of the Argentine Society of Genetics  
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

[www.sag.org.ar/jbag](http://www.sag.org.ar/jbag)  
Buenos Aires, Argentina





# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXV - No. 1 (suppl.)

September 2024



**BAG - Journal of Basic and Applied Genetics**

Not yet assigned quartile

SJR 2022  
0

powered by scimagojr.com

# Editorial Board

## Comité Editorial

---

### Editor General:

#### Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina  
bag.editor@sag.org.ar

### Editores Asociados:

#### Citogenética Animal y Citogenética Vegetal

#### Dra. Liliana Mola

Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Buenos Aires, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina  
limola@ege.fcen.uba.ar

#### Dra. Mariel Schneider

Dep. de Ciências Biológicas, Universidade Federal de São Paulo. São Paulo, Brasil  
maricb@rc.unesp.br

#### Citogenética Vegetal

#### Dr. Julio R. Daviña

Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones. Posadas, Argentina  
juliordavina@fceqyn.unam.edu.ar

#### Genética de Poblaciones y Evolución

#### Dra. Mariana Pires de Campos Telles

Dep. de Genética, Laboratório de Genética & Biodiversidade, Escola de Ciências Médicas e Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás e Universidade Federal de Goiás. Goiás, Brasil  
tellsmpc@gmail.com

#### Dra. María Isabel Remis

Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina  
mariar@ege.fcen.uba.ar

#### Dr. Juan César Vilardi

Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Buenos Aires, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina  
vilardi@bg.fcen.uba.ar

#### Genética Humana, Genética Médica, y Citogenética

#### Dra. María Inés Echeverría

Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Cuyo. Mendoza, Argentina  
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

#### Genética Humana

#### Dr. Carlos Bacino

Dept. of Molecular and Human Genetics, Baylor College of Medicine. Texas, USA  
cbacino@bcm.edu

#### Genética Médica

#### Dr. José Arturo Prada Oliveira

Facultad de Medicina, Departamento de Anatomía Humana y Embriología, Universidad de Cádiz. Cádiz, España  
arturo.prada@uca.es

#### Genética Médica y Molecular

#### Dr. Bernardo Bertoni Jara

Facultad de Medicina, Universidad de la República. Montevideo, República Oriental del Uruguay  
bbertoni@fmed.edu.uy

#### Dra. Mev Domínguez Valentín

Oslo University Hospital. Oslo, Norway  
mev.dominguez.valentin@rr-research.no

#### Genética Molecular Animal

#### Dr. Guillermo Giovambattista

Instituto de Genética Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. La Plata, Argentina  
ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

#### Genética Molecular Vegetal

#### Dr. Alberto Acevedo

Centro de Investigación de Recursos Naturales, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Hurlingham, Argentina  
acevedo.alberto@inta.gob.ar

#### Dr. Andrés Zambelli

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Balcarce, Argentina  
andres.zambelli@mdp.edu.ar

#### Genética y Mejoramiento Genético Animal

#### Dra. María Inés Oyarzábal

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario. Rosario, Argentina  
moyazabr@unr.edu.ar

#### Dr. Gustavo Rodríguez Reynoso

Universidad Agraria La Molina, y Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología. Lima, Perú  
gustavogr@lamolina.edu.pe

#### Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

#### Dra. Natalia Bonamico

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto, Argentina  
nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

#### Dr. Ricardo W. Masuelli

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Mendoza, Argentina  
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

#### Dr. Rodomiro Ortiz

Dept. of Plant Breeding, Swedish University of Agricultural Science. Uppsala, Suecia  
rodomiro.ortiz@slu.se

#### Dra. Mónica Poverene

Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur. Bahía Blanca, Argentina  
poverene@criba.edu.ar

#### Dr. Pedro Rimieri

Profesional asociado y asesor científico-técnico. INTA, Pergamino. Buenos Aires, Argentina  
primieri730@gmail.com

#### Genética de Microorganismos

#### Dra. Mariel Sanso

Facultad de Ciencias. Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires. Tandil, Argentina  
msanso@vet.unicen.edu.ar

#### Mutagénesis

#### Dr. Alejandro D. Bolzán

Lab. de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. La Plata, Argentina  
abolzan@imbice.gov.ar

#### Consultor Estadístico

#### Dr. David Almorza

Facultad de Ciencias del Trabajo, Depto. de Estadística e Investigación Operativa, Universidad de Cádiz. Cádiz, España  
david.almorza@uca.es

#### Secretaría de Redacción

#### Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina  
mecheverria@mdp.edu.ar

## IV Jornadas Regionales de Genética

---

### Diseño y maquetación

**Lic. Mauro Salerno**

maurosalerano92@gmail.com

### Corrección de estilo

**Dra. Gabriela Leofanti**

gabrielaleofanti@gmail.com

---

### Imágen de tapa:

Trasfoguero Texel

Autor: **Nicolás Orozco**

### Comisión Organizadora

**Vladimir Cambiaso**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**José Colazo**

Departamento de Mejoramiento Genético de Arroz. EEA Concepción del Uruguay, INTA, Entre Ríos

**Graciela María Nestares**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**Nicolás Orozco**

Centro de Investigación con animales de laboratorio, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe

**María Inés Oyarzabal**

Centro de Investigación con animales de laboratorio, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe

**Rosanna Nora Pioli**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**Guillermo Raúl Pratta**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**Gustavo Rubén Rodríguez**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

### Comité Científico

**Patricia Amavet**

Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral- CONICET, Santa Fe

**Lucila Isabel Hinrichsen**

Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe

**Mariana Iagadari**

Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos (UNER); ICTAER -CONICET-UNER, Entre Ríos

**Ana Claudia Ochogavía**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**Germán Roberto Perez**

Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas. Universidad Nacional de Rosario; DETx MOL S.A., Santa Fe

**Javier Hernán Pereira da Costa**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe

**María Andrea Tomas**

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IdICaL) EEA Rafaela INTA - CONICET; Universidad Nacional de Rafaela, Santa Fe

**Milba Marina Vera**

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IdICaL) EEA Rafaela INTA - CONICET, Santa Fe





# IV Jornadas Regionales de Genética

23 Y 24 DE SEPTIEMBRE 2024  
ROSARIO ARGENTINA

Organizadas por la **Comisión Regional Litoral de la Sociedad Argentina de Genética**

FUNDACIÓN  
WILLIAMS

 **Santa Fe**  
PROVINCIA

 **UNR**  
Universidad Nacional de Rosario

 **Bayer**

 **CORTEVA™**  
agriscience

*Fundación  
"Josefina Prats"*

 **INBIO**  
HIGHWAY  
-BIOLOGIA MOLECULAR-

 **ARFIC**  
Asociación Rosarina para el Fomento de la Investigación Científica

**BIO-OPTIC**  
Excelencia tecnológica y calidad de servicios



**SAG** Sociedad Argentina de Genética





<b>11</b>	<b>CONFERENCIAS</b>	
<hr/>		
<b>15</b>	<b>SIMPOSIOS</b>	
<hr/>		
<b>27</b>	<b>COMUNICACIONES LIBRES</b>	
<hr/>		
27	<b>CV. CITOGENÉTICA VEGETAL</b>	
31	<b>FG. FARMACOGENÉTICA</b>	
35	<b>GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN</b>	
39	<b>GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR</b>	
45	<b>GH. GENÉTICA HUMANA</b>	
49	<b>GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL</b>	
53	<b>GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS</b>	
57	<b>GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN</b>	
63	<b>GV. GENÉTICA VEGETAL</b>	
71	<b>MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL</b>	
75	<b>MV. MEJORAMIENTO VEGETAL</b>	



# CONFERENCIAS

# CONFERENCES



## INVESTIGACIÓN EN GENÉTICA: DESAFÍOS Y OPORTUNIDADES PARA INVESTIGADORES NOVELES

Camadro E.L.<sup>1</sup> <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.  
elsacamadro@gmail.com

La investigación científica es la búsqueda del conocimiento mediante la colección sistemática, la organización, y el análisis de información. Las fronteras de la investigación en Genética se han ampliado enormemente en las últimas décadas por el desarrollo de biotecnologías, aplicadas *per se* o en adición a manipulaciones clásicas. Por exigencias de los organismos financiadores de la investigación y de revistas científicas de prestigio –que acompañan el desarrollo continuo de equipamiento e instrumental científicos y el patentamiento– la aplicación de biotecnologías es muy frecuente. No obstante, su uso en Genética puede generar información innecesaria o redundante o conducir a conclusiones erróneas cuando no va acompañada del análisis previo de ventajas y limitaciones, incluida la relación costo/beneficio. La elección de la tecnología de ADN apropiada para responder al problema planteado, el conocimiento de la diversidad genética y de la variabilidad genética poblacional, y la interpretación correcta de la información genotípica son centrales para evitar fracasos. El uso de Inteligencia Artificial, intensificada en investigación en Medicina, requiere la consideración y discusión de potenciales de sesgo y de generalización de resultados a través de poblaciones. Por eso, en estudios moleculares no debe perderse de vista el “todo” (organismo completo, población, ambiente, e interacciones) para hacer inferencias. Finalmente, la libertad de investigación es fundamental para el avance del conocimiento, pero deben establecerse límites cuando pueden vulnerarse otras libertades y derechos.

---

## ENSEÑAR LA GENÉTICA: A QUIÉN Y POR QUÉ

Prado E.<sup>1</sup> <sup>1</sup>INRAE Centre Grand Est Colmar, Francia. emilce.prado@inrae.fr

«En la vida, nada hay que temer, todo hay que comprender.» Marie Curie

El salto científico y tecnológico que vivimos en los últimos cincuenta años ha llevado a los profesionales de la ciencia a la necesidad de perfeccionarse y especializarse cada vez más. Las pruebas aportadas por las nuevas tecnologías nos han llevado a cambios de paradigmas significativos. El conocimiento acumulado por el mundo científico lo ha alejado de las posibilidades de comprensión del profano, ya que la educación “escolar” no ha seguido la misma curva de crecimiento. Esta afirmación es aún más evidente cuando se trata de biología, de genética y de tecnologías asociadas, ya que incumben directamente al hombre en su vida cotidiana y a la naturaleza que lo circunda. Es así que las palabras de Marie Curie resuenan como una señal de alerta, tememos lo que no comprendemos. El perfeccionamiento en genética es una necesidad para los profesionales del área de la salud, de la biotecnología y del mejoramiento animal y vegetal. Pero al mismo tiempo, la vulgarización de los avances en biología y en particular en genética, es una vía para desdramatizar las nuevas tecnologías.



# SIMPOSIOS

# SYMPOSIA





## SIMPOSIO

**INTERNACIONALIZACIÓN DE LA GENÉTICA Y EL MEJORAMIENTO VEGETAL DEL LITORAL ARGENTINO: APORTES CLAVES DESDE ROSARIO**

Acuña M.<sup>1</sup> EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.  
 acuna.mariela@inta.gob.ar

Los avances y las investigaciones en el campo de la genética y el mejoramiento de cultivos en la región del Litoral argentino han adquirido una proyección y reconocimiento a nivel internacional. Ello también, es parte del legado de aquellos que han trabajado en esta área con la Dra. Picardi trascendiendo a escala global. El Dr. Ortiz y col. abordan la apomixis en *Paspalum spp*, mencionan los avances hacia la comprensión de un sistema natural de clonación, por semilla. Los resultados revelan que la apomixis está controlada por un locus simple que presenta fragmentación en la referencia diploide, lo que sugiere que genes vinculados al desarrollo podrían desempeñar un papel crucial en la transición de la sexualidad a la apomixis. El Dr. Kreff destaca las innovaciones en el mejoramiento genético de maíz para aumentar la producción y la incorporación de nuevas tecnologías tales como la inteligencia artificial, la optimización de los procesos de mejoramiento, la robótica y automatización en el fenotipado, y la edición génica, además de un uso más preciso del germoplasma. El Dr. Schrauf alude que gran parte de las ideas en que se basaron las líneas que menciona, partieron de discusiones realizada con la Dra. Picardi, presenta resultados en numerosas especies e investigaciones que han brindado tanto cultivares como en aporte al conocimiento. Por último, la Dra. Mayor señala la utilización de diferentes tecnologías de fenotipación y genotipación que sumadas al conocimiento del germoplasma en sorgo, facilitan el desarrollo de híbridos y posibilitan el aumento de la ganancia genética anual.

---

## **GENÉTICA Y GENÓMICA DE LA APOMIXIS EN *PASPALUM*, AVANCES HACIA LA COMPRENSIÓN DE UN SISTEMA NATURAL DE CLONACIÓN POR SEMILLAS**

Ortiz J.P.A.<sup>1</sup>, J.M. Vega<sup>1</sup>, M. Podio<sup>1</sup>, J. Orjuela<sup>2</sup>, L.A. Siena<sup>1</sup>, S.C. Pessino<sup>1</sup>, M.C. Combes<sup>2</sup>, C. Mariac<sup>2</sup>, E. Albertini<sup>3</sup>, F. Pupilli<sup>4</sup>, O. Leblanc<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>DIADE, Universidad de Montpellier, CIRAD, IRD, Montpellier, Francia; <sup>3</sup>Department of Agricultural, Food and Environmental Science, University of Perugia, Perugia, Italia; <sup>4</sup>Institute of Biosciences and Bioresources (IBBR), National Research Council (CNR), Perugia, Italia. jortiz@unr.edu.ar

El género *Paspalum* incluye varias especies forrajeras nativas de las regiones tropicales y subtropicales de América. *P. notatum* forma un complejo multiploide en donde el citotipo diploide es sexual y autoincompatible y el tetraploide es apomítico y autofértil. La apomixis está controlada por un locus simple (ACL) que muestra restricción de la recombinación y segregación distorsionada. Aunque se conoce la herencia del ACL y varios genes asociados al fenotipo apomítico, no se han determinado completamente las bases moleculares que controlan el carácter y su expresión. Recientemente ensamblamos y anotamos el genoma de la especie a partir de un citotipo diploide. En el mismo se identificaron todas las características del genoma y 45.074 modelos génicos. Sobre esta base, utilizando marcadores moleculares ligados a la apomixis en los citotipos tetraploides se localizaron dos regiones genómicas (Cromosoma 5 y 8) conteniendo 850 y 255 genes, respectivamente. Los análisis de enriquecimiento por GO mostraron componentes de la regulación de la floración, el desarrollo de brotes y el desarrollo del embrión. Los resultados indican que el ACL se encuentra fragmentado en la referencia diploide y que genes relacionados al desarrollo pueden estar cumpliendo un rol clave en la transición entre la sexualidad y la apomixis. Análisis similares se están realizando sobre ensamblados de genomas tetraploides.

## CONTINUANDO EL LEGADO DE LILIANA PICARDI: INNOVACIONES EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE MAÍZ

Kreff E.D.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Semilla Nueva. Pergamino, Buenos Aires, Argentina. edkreff@gmail.com

En la búsqueda de una producción agrícola sustentable con impactos positivos en el ambiente, la salud y la diversidad, el mejoramiento genético del maíz es esencial. En regiones donde la dieta depende en gran medida del maíz, esto puede causar deficiencias de nutrientes como zinc, hierro y aminoácidos esenciales (lisina y triptófano), aumentando el riesgo de desnutrición. El mejoramiento del maíz ha logrado avances genéticos importantes a lo largo de las décadas, con un enfoque en aumentar la producción y la incorporación de nuevas tecnologías. Tecnologías como la hibridación, viveros de contra estación, ambientes controlados, OGMs, haploides duplicados y marcadores moleculares han optimizado este proceso. Mirando hacia el futuro, los nuevos esquemas de mejoramiento incluyen el uso de inteligencia artificial para el diseño de productos y la optimización de los procesos de mejoramiento, la robótica y automatización en la fenotipificación, y la manipulación genómica avanzada como la edición génica, además de un uso más preciso del germoplasma para aumentar la diversidad. En esta nueva era del mejoramiento del maíz, las posibilidades de obtener cultivos con mayor productividad y características novedosas son amplias. Es crucial aplicar la edición génica y aprovechar la diversidad disponible en el germoplasma de maíz, tanto local como global. También es fundamental identificar las posibles sinergias entre estas nuevas tecnologías y las previamente implementadas para desarrollar cultivos de maíz biofortificados que combatan la desnutrición en América Central y África Subsahariana.

---

## INTENTANDO SER CREATIVOS PARA MEJORAR LAS PLANTAS, OTRO LEGADO DE LILIANA PICARDI

Schrauf G.E.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina; Criadero Cultivos del Sur. Buenos Aires, Argentina. gschrauf@agro.uba.ar

Se sintetizan líneas desarrolladas en la Cátedra de Genética y Criadero Cultivos del Sur FAUBA, en colaboración con diferentes unidades académicas. En pre-mejoramiento, se estudiaron especies como *Deschampsia antarctica*, *Bromus pictus*, *Elymus scabrifolius* entre otras. En Genética Molecular, se analizaron eventos transgénicos de *Trifolium repens* e intragénicos en *Lolium perenne* y se obtuvieron eventos en *Paspalum dilatatum* que retardan senescencia, acumulan azúcares, reducen contenido de ligninas y otorgan tolerancia a salinidad. Se inscribieron en Registros del INaSe 12 cultivares forrajeros (dos *Festuca arundinacea*, dos *Trifolium repens*, dos *Bromus catharticus*, dos *Paspalum dilatatum*, uno *Elymus scabrifolius*, uno *Elymus elongatus*, uno *Melilotus albus*, un *Lotus corniculatus*) aplicando criterios novedosos de selección. En arándanos (*Vaccinium corymbosum*) se inscribieron cuatro cultivares que se destacan por su sabor, vida poscosecha y producción. En maíz se desarrollaron híbridos interinstitucionales con el INTA que muestran una muy alta heterosis y durante 2024 se halló que un híbrido inédito de la FAUBA mostró una muy alta tolerancia al complejo de enfermedades que acarrea el ataque de la chicharrita. En tomate se inició un programa cuyo criterio principal fue la recuperación del sabor. Se inscribieron tres cultivares, uno con la denominación de “La Piqui”. Se realizan cruzamientos dentro de los que se destacan aquellos con especies silvestres tolerantes al virus rugoso del tomate. Gran parte de las ideas en que se basaron estas líneas partieron de discusiones con la Dra. Liliana Picardi.

## AVANCES EN EL USO DE TECNOLOGÍA EN MEJORAMIENTO COMERCIAL DE SORGO

Mayor L.<sup>1</sup> <sup>1</sup>Corteva Agriscience, Manhattan, Kansas, Estados Unidos de América. laura.mayor@corteva.com

Durante más de 65 años, el Departamento de Investigación de Sorgo de Corteva ha estado proporcionando híbridos comerciales de élite a los productores de este cultivo. Para lograr ese objetivo, nuestro equipo de investigación alinea las metas de mejoramiento para satisfacer las necesidades de los productores en los diferentes mercados de sorgo. Las últimas tecnologías de fenotipificación y genotipificación son utilizadas para el desarrollo de híbridos con el objetivo de avanzar en el proceso de mejora. Estas tecnologías, en combinación con un profundo conocimiento del germoplasma, permiten un aumento anual de la ganancia genética. El resultado de este proceso es el desarrollo de líneas parentales superiores y su posterior utilización en el desarrollo de híbridos con mayor adaptación a las diferentes condiciones en los ambientes donde crece el cultivo. En esta presentación nos enfocaremos en la utilización de diferentes tecnologías y su uso en programas comerciales de mejoramiento.

---

## SIMPOSIO

### DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Hinrichsen L.<sup>1</sup> Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. lhinrich@unr.edu.ar

La genética ha sido y es una herramienta importante para descubrir nuevos aspectos de la biología humana. La variación de la línea germinal y la mutación somática están íntimamente relacionadas y juntas determinan los rasgos humanos y los estados de salud/enfermedad. Las variantes de línea germinal están presentes desde la concepción, varían entre individuos y se acumulan a lo largo de las generaciones. Las mutaciones somáticas, debidas a fuentes intrínsecas y extrínsecas mutacionales y a presiones selectivas, se acumulan durante la vida de un individuo en mosaicos. La arquitectura genética de un fenotipo determinado incluye tanto el número de variantes genéticas que influyen en él como la magnitud de los efectos de las variantes, sus frecuencias en las poblaciones y sus interacciones entre sí y con el ambiente. En ningún ámbito ha sido más sorprendente el impacto de la genética que en la práctica clínica. El Proyecto Genoma Humano aceleró un cambio de paradigma, revolucionando la atención médica. La medicina moderna integra tecnologías para la identificación del tratamiento preciso y define el marco para obtener resultados clínicos exitosos en torno a cinco aspectos: administración del medicamento correcto al paciente correcto en el momento correcto en la dosis correcta a través de la vía de administración correcta. Este enfoque, que considera el historial médico, las variantes génicas, el entorno y el estilo de vida del paciente, define la medicina de precisión. En este simposio se analizará el impacto de la variación génica sobre las complejidades de la medicina de precisión.

---

### ABORDAJE MOLECULAR DE LAS DISTROFIAS MUSCULARES: CONFIRMACIÓN DIAGNÓSTICA Y SU ROL EN LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Carcione M.<sup>1</sup>, C. Mazzanti<sup>1</sup>, C. Llamas Massini<sup>1</sup>, T. Visconti<sup>1</sup>, F. Giliberto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires (UBA), INIGEM (UBA-CONICET), Hospital de Clínicas "José de San Martín". Buenos Aires, Argentina. gilbertoflor@gmail.com

Las distrofias musculares (DM) son un grupo de enfermedades genéticas/hereditarias que causan degeneración muscular progresiva. La distrofia muscular de Duchenne (DMD), la más frecuente y severa es causada por alteraciones en el gen *DMD*. Es recesiva ligada al X, afecta principalmente a varones, aunque algunas mujeres presentan síntomas. La variabilidad clínica entre afectados es significativa, incluso entre aquellos con la misma mutación. El diagnóstico de DM es complejo debido al solapamiento de signos y síntomas entre las DM, por lo que el abordaje molecular es esencial para un diagnóstico diferencial. Aunque no existe cura, se han logrado avances en terapias, especialmente para la DMD: *exon skipping*, evasión del codón de terminación prematuro y terapia génica. Nuestra investigación se centra en la DMD. Hemos analizado 3.000 muestras de pacientes y familiares con DM. El diagnóstico temprano es crucial para determinar cuidados que retrasen la progresión de la enfermedad y mejoren la calidad de vida, así como para proporcionar asesoramiento genético y determinar la elegibilidad para tratamientos específicos. Implementamos un algoritmo diagnóstico utilizando MLPA, NGS, PCR-Sanger, ARNm y herramientas bioinformáticas. Este trabajo presenta el algoritmo molecular para el diagnóstico de DM y su utilidad para determinar protocolos terapéuticos específicos según la variante genética. Además, se resumen investigaciones sobre la afectación muscular en mujeres portadoras de *DMD* y el estudio de genes modificadores de la progresión clínica de la DMD.

## **BIOMARCADORES MOLECULARES EN LA CARACTERIZACIÓN DIAGNÓSTICA DE GLIOMAS: UN DESAFÍO EN LA MEDICINA DE PRECISIÓN**

Perez G.R.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. gperez@fbioyf.unr.edu.ar

Los gliomas son los tumores primarios del sistema nervioso central más frecuentes en adultos e incluyen a los astrocitomas, oligodendrogliomas y glioblastomas (GBM). De todos ellos, GBM es el más agresivo y letal, y una patogénesis compleja debido a un genoma tumoral altamente desregulado donde están involucradas distintas vías de señalización interconectadas. Las limitaciones en eficacia de la radioterapia y agentes quimioterapéuticos posquirúrgicos convencionales son un problema médico de gran importancia. Sin embargo, nuevos enfoques terapéuticos mejoraron la supervivencia y calidad de vida de los pacientes a grados variables. La comprensión actual de las características moleculares en la gliomagénesis ha demostrado que es poco probable que haya eventos genéticos o celulares únicos que puedan incluir a todos los pacientes. Por ello, el uso de biomarcadores genotípicos y fenotípicos de forma integrada, propuesto en las últimas recomendaciones de clasificación de gliomas por la Organización Mundial de la Salud en 2016 y 2021, agregó mayor nivel de objetividad al proceso diagnóstico.

Si bien, esto es un avance sustancial, seguramente la incorporación en el futuro de nuevos biomarcadores moleculares producirá entidades biológicamente cada vez más homogéneas que conducirá a una mayor precisión diagnóstica, a un mejor manejo del paciente y una determinación más precisa del pronóstico y la respuesta al tratamiento. La clave de disponer de un tratamiento exitoso para estos tumores radicarán en el desarrollo de terapias específicas dirigidas a subconjuntos definidos molecularmente.

---

## **IMPACTO DEL ASESORAMIENTO GENÉTICO ONCOLÓGICO EN LA ACTUALIDAD**

Mampel A.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo (UNCu); Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, UNCu. Mendoza, Argentina. mampelalejandra@gmail.com

La oncología ha presentado en los últimos años grandes avances en la identificación y comprensión de algunos factores involucrados en su etiología, gracias al desarrollo de la biología molecular. Es indudable que la utilización de estrategias clínico-moleculares ha mejorado la selección de medidas de seguimiento, vigilancia y tratamiento de los pacientes. El estudio del estatus molecular de los afectados con cáncer, permite identificar a pacientes con alto riesgo a enfermar a lo largo de la vida, en especial aquellos que padecen alguna forma hereditaria. Ellos podrían acceder a estrategias de seguimiento y tratamientos de precisión, sin olvidar la importancia que esta información tiene para completar el asesoramiento genético en otros individuos, con potencial riesgo de enfermar, en esas familias.

## SIMPOSIO

### GENÉTICA DE MICROORGANISMOS Y AGENTES VIRALES

Pioli R.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR). Santa Fe, Argentina. rosannanpioli@gmail.com

Los microorganismos y virus cumplen distintos roles al interactuar con sus diversos hospedantes (simbiosis, endofitía, parasitismo), son biodegradadores, coreguladores y se utilizan en la industria farmacéutica y alimenticia. Su conocimiento constituye un desafío permanente, por ello, se abordarán cuatro Líneas de investigación: *Metagenómica para aprovechamiento y agregado de valor en la industria láctea*: siendo el lactosuero el principal subproducto que conserva gran parte de sus nutrientes y vitaminas, se presentará la amplificación, clonado y expresión en sistemas heterólogos de enzimas proteolíticas y  $\beta$ -galactosidasas a partir de ADN metagenómico previamente secuenciado. *Micología y mecanismos de resistencia a los antifúngicos*: la resistencia a los antifúngicos en hongos de interés en clínica humana varía según la especie fúngica y el antifúngico. En este contexto, se analizarán los mecanismos moleculares de resistencia descritos para especies relevantes. *Microorganismos nativos de interés biotecnológico*: se abordará el uso y aplicación de especies bacterianas y levaduras autóctonas en la obtención de alimentos fermentados y desarrollo de procesos biotecnológicos: vinagres y vinos. *Respuestas de defensa en plantas inducidas por el virus TNVA*: una cepa del virus de la necrosis del tabaco induce lesiones necróticas en hojas de diversos hospedantes, pero en dos especies evaluadas progresa a necrosis sistémica. Sobre los resultados alcanzados se investigará los PAMPs virales y cómo TNVA modula factores del hospedante para diferenciar entre necrosis sistémica y local.

---

### METAGENÓMICA PARA EL APROVECHAMIENTO Y AGREGADO DE VALOR A SUBPRODUCTOS DE LA INDUSTRIA LÁCTEA

Eberhardt M.F.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL, CONICET-INTA), Santa Fe, Argentina. eberhardtflorencia@gmail.com

El lactosuero es el principal subproducto de las industrias lácteas, compuesto por la porción acuosa que se separa del queso durante la coagulación de la leche. Representa aproximadamente entre el 90% del volumen inicial y conserva gran parte de sus nutrientes, proteínas, lípidos, lactosa, minerales y vitaminas. Por su composición, se puede considerar materia prima para productos de valor agregado. La utilización de los hidrolizados de proteína de suero ha reportado múltiples actividades incluyendo antihipertensivas, antioxidante, antitrombótico, opioide, antimicrobiano, citomodulador e inmunomodulador. Por otro lado, los galactooligosacáridos obtenidos a partir de la lactosa pueden utilizarse como prebióticos para microorganismos beneficiosos para el tracto gastrointestinal del humano. Estos compuestos se pueden obtener mediante tratamientos fisicoquímicos, microbianos o enzimáticos. En particular, estos últimos tienen la ventaja de ser altamente selectivos, más estables y menos contaminantes, haciendo que el mercado mundial de enzimas crezca a ritmos acelerados. La bioprospección de enzimas a partir de metagenomas permite identificar nuevas enzimas tanto de microorganismos cultivables como no cultivables, las cuales se espera que tengan actividades destacadas por sobre las comerciales. En este trabajo presenta la búsqueda, predicción, amplificación, clonado y expresión en sistemas heterólogos de enzimas proteolíticas y  $\beta$ -galactosidasas a partir de un ADN metagenómico previamente secuenciado por el grupo de dos lagunas de estabilización de la industria láctea.

## MICOLOGÍA Y MECANISMOS DE RESISTENCIA A LOS ANTIFÚNGICOS

García-effron G.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Micología y Diagnóstico Molecular (CONICET), Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina. ggarcia@unl.edu.ar

La resistencia a los antifúngicos varía según la especie fúngica y el antifúngico. Para la anfotericina B, los casos de resistencia son raros y poco estudiados. En azoles, existe una amplia gama de mecanismos, mientras que en equinocandinas, la resistencia clínica está vinculada a sustituciones de aminoácidos en el target de la droga (Fksp). La resistencia clínica se vincula a infecciones por aislamientos mutantes seleccionados intra-tratamiento o por infección con mutantes seleccionados en el ambiente. Estas cepas resistentes, sobreviven a la presión de los antifúngicos mediante la sobreexpresión de genes compensatorios, vías de respuesta al estrés y reordenamientos cromosómicos. Estos cambios pueden revertirse si se reduce la presión antifúngica. Por el contrario, durante el tratamiento pueden seleccionarse mutantes “estables”, que mantienen los cambios genéticos independientemente de la presión. En la práctica clínica, estos mutantes deben identificarse porque son responsables de fallas terapéuticas. Los mecanismos moleculares involucrados en los fenotipos de resistencia a los antifúngicos incluyen la alteración de la interacción de la droga con su target, reducción de la concentración citoplasmática de la droga y *bypass* metabólicos. El objetivo de la presentación, será presentar un resumen de los mecanismos moleculares de resistencia descritos a nivel local y mundial en distintas especies de hongos de importancia en clínica humana como *Candida* spp., *Aspergillus* spp y *Cryptococcus* spp. Se destacará la experiencia de nuestro laboratorio en el tema.

## MICROORGANISMOS NATIVOS DE INTERÉS BIOTECNOLÓGICO

Gerard L.M.<sup>1</sup>, M.B. Corrado<sup>1</sup>, M.G. Dalzotto<sup>1,2</sup>. Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Entre Ríos, Argentina. liliiana.gerard@uner.edu.ar

Se aislaron e identificaron microorganismos autóctonos de importancia biotecnológica, provenientes de frutas de la región de Concordia, para ser aplicados en la obtención de alimentos fermentados. Así, se aislaron bacterias del ácido acético (BAA) de arándanos y frutas cítricas, levaduras y bacterias del ácido láctico (BAL) de uvas y en la fermentación espontánea de las variedades Tannat y Marselan. Las BAA se identificaron las técnicas moleculares: PCR-RFLP del gen 16S y PCR-RFLP del espaciador intergénico 16S-23S. Los resultados se confirmaron mediante secuenciación parcial del gen 16S. Además de identificar *Acetobacter pasteurianus*, se pudo reconocer a *A. syzygii*, una bacteria que hasta ese momento no era muy conocida, ni utilizada en la elaboración de vinagres. Para las levaduras se utilizó la amplificación del gen ribosomal 5,8S y sus dos espaciadores transcritos internos (ITS1 e ITS2) y posterior digestión enzimática utilizando *CfoI*, *HaeIII* y *HinfI*. *Saccharomyces cerevisiae* y *Pichia kudriavzevii* fueron las especies aisladas con mayor frecuencia. Los resultados se confirmaron con secuenciación del gen 26S rDNA D1/D2. En el caso de las BAL nativas, se buscó identificar *Oenococcus oeni*, mediante PCR específica utilizando los *primers* On1 y On2. Esta bacteria, transforma el ácido L-málico en ácido L-láctico contribuyendo a la obtención de vinos de menor acidez, mayor complejidad aromática y estabilidad microbiológica. Algunos de los microorganismos aislados e identificados se utilizaron en el desarrollo de procesos biotecnológicos: vinagres, aceto balsámico y vinos.

## UNCOVERING THE PLANT DEFENSE RESPONSE INDUCED BY TOBACCO NECROSIS VIRUS A.

Depetris D.<sup>1</sup>, M.R. Marano<sup>1,2</sup>, L. Garcia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario; <sup>2</sup>Área de Virología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacia, Universidad Nacional de Rosario. Santa Fe, Argentina. [garcia@ibr-conicet.gov.ar](mailto:garcia@ibr-conicet.gov.ar)

Tobacco necrosis virus strain A (TNVA), a member of the Alphanecrovirus genus within the Tombusviridae family, induces necrotic lesions on inoculated leaves across a wide host range. TNVA infection rarely progresses to systemic necrotic disease, except in soybean and *Nicotiana benthamiana*. We have recently elucidated the mechanisms underlying TNVA-triggered local cell death in tobacco, finding similarities to resistance protein-mediated hypersensitive responses. TNVA infection stimulates local accumulation of viral small interfering RNA (vsiRNA) and modulates pathogen-associated molecular pattern (PAMP)-triggered immunity (PTI) processes. While TNVA-vsiRNAs are confined to infected leaves, the virus suppresses antiviral silencing amplification. TNVA activates PTI responses, including hydrogen peroxide production, cell wall strengthening, unfolded protein response, and salicylic acid (SA) induction. However, these defenses are insufficient to prevent viral replication or spread, leading to disease establishment. Enhancing plant defense responses through different treatments reduces TNVA systemic symptoms (chlorosis and dwarfism). TNVA appears to evade plant immunity by manipulating host factors, enabling low-level viral persistence in distant tissues. Further analysis of the viral proteins revealed that the capsid protein (CP) and ORF1 suppress antiviral silencing, facilitating viral spread and systemic symptoms. Future research will investigate whether viral PAMPs induce local lesions and how TNVA modulates host factors to differentiate between systemic and local necrosis.

---



## SIMPOSIO

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES ANIMALES DEL LITORAL ARGENTINO**

Vera M.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>EEA Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Santa Fe, Argentina.  
vera.milba@inta.gob.ar

La diversidad y la variabilidad genética tienen como base las variaciones heredables dentro y entre especies y/o poblaciones, y también consideran la variación epigenética y su impacto sobre el fenotipo en determinados ambientes. En su conjunto, determinan el potencial evolutivo incluso ante influencias antrópicas, y la respuesta a la selección. Por un lado, la utilización de la diversidad genética en el mejoramiento animal constituye una alternativa económicamente rentable, sin embargo, es necesario incorporar estrategias para mantenerla. Por el otro lado, los objetivos para la implementación de estrategias oportunas de conservación de especies o razas deben ser definidos a largo plazo requiriendo una evaluación genética exhaustiva dado que, precisan del seguimiento de cómo los factores que determinan el proceso evolutivo modelan la variabilidad genética de las poblaciones. En este simposio se expondrán trabajos realizados en caimanes, cerdos y peces del litoral argentino cuyos resultados pueden aportar a la toma de decisiones tendientes a preservar rasgos de adaptación o de eficiencia biológica y en algunos casos mejorar rasgos de interés productivo a contemplar en programas de aprovechamiento sustentable.

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE GENES RELACIONADOS CON LA CALIDAD DE LA CARNE EN CERDOS DEL NORESTE ARGENTINO**

Rodriguez V.R.<sup>1</sup>, R.M. Barragan<sup>1,2</sup>, M. Lagadari<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos (ICTAER); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos. Entre Ríos, Argentina.  
mariana.lagadari@uner.edu.ar

Considerando la relación entre el *background* genético y los atributos de calidad como un aspecto fundamental para el manejo de la calidad de la carne de cerdo, se investiga la segregación de polimorfismos de único nucleótido (SNPs) relacionados con estos atributos comparando la diversidad y estructura genética en poblaciones criollas y comerciales de diferentes granjas del noroeste argentino. Se realizó un análisis de SNPs en los genes candidatos *RYR1*, *PRKAG3*, *CAST*, *SOX6*, *PPARGC1a* y *PGAM2*, utilizando técnicas basadas en la amplificación de ácidos nucleicos (PCR-RFLP, PCR alelo específica, amplificación de mutaciones refractarias-PCR y análisis de fusión de alta resolución). En el análisis de diversidad, los genes candidatos mostraron un elevado polimorfismo y heterocigosidad poblacional ( $H_o$  0,560 híbridos y 0,588 para criollos,  $R_A$  2,17 para ambas poblaciones). Las desviaciones significativas en el HWE ( $p < 0.05$ ) en los *loci* estudiados se corresponden con la elevada heterocigosis y con valores de  $F_{is}$  de -0,244 y -0,310 para poblaciones híbridas y criollas. Estos resultados sugerirían que los polimorfismos analizados aún no han sido expuestos a presiones selectivas. A excepción de los genes mayores *RYR1* y *PRKAG3*, donde se evidenció una selección moderada hacia los alelos con conocido efecto perjudicial, con una prevalencia de entre 15-25%, incluso en líneas híbridas. Estos marcadores genéticos podrían ser considerados en futuros programas de selección asistida como estrategia para mejorar la calidad de la carne de cerdo y satisfacer las demandas actuales de los consumidores.

## ESTUDIOS GENÉTICOS APLICADOS A LA CONSERVACIÓN DE CAIMANES EN LA REGIÓN LITORAL

Amavet P.<sup>1</sup>, G. Poletta<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET; <sup>2</sup>Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral-CONICET. Santa Fe, Argentina. pamavet@fhuc.unl.edu.ar

Las poblaciones de caimanes argentinos (*Caiman latirostris* y *Caiman yacare*) son objeto de programas de manejo para su conservación y el uso sustentable de sus productos, desde hace tres décadas. Estas actividades permitieron la recuperación de sus poblaciones, amenazadas por la sobrecaptura y la falta de control comercial, pero actualmente se ven profundamente afectadas por la pérdida y transformación de su hábitat, así como por la contaminación ambiental. Con el objeto de evaluar el impacto de los planes de manejo en la conservación de las poblaciones de yacarés, se llevan a cabo desde hace varios años estudios genético-poblacionales en ambas especies, utilizando metodologías citogenéticas y moleculares. Al mismo tiempo, se emplean técnicas para evaluar la genotoxicidad y alteración en los patrones de expresión génica, como biomarcadores de exposición a plaguicidas, demostrando la sensibilidad de estas especies como centinelas de contaminación ambiental. Estos estudios demuestran la importancia de monitorear a largo plazo estas poblaciones nativas afectadas por diferentes actividades antrópicas.

---

## LITORAL: CONTRIBUCIONES HACIA UNA GESTIÓN SOSTENIBLE

Villanova G.V.<sup>1</sup>, E. Rueda<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario; Centro Científico Tecnológico y Educativo; Acuario del río Paraná. Santa Fe, Argentina. villanova@rosario-conicet.gov.ar

La pesca continental reviste gran importancia en nuestro país. La extracción anual en la región se estima en 40.000 toneladas, siendo el sábalo la principal especie explotada. Por otra parte, el cultivo de peces nativos ha sido una apuesta para el desarrollo de la piscicultura de la región, con el cultivo de pacú como insignia de la acuicultura de especies nativas. En la provincia de Santa Fe desde hace varios años se viene impulsando esta actividad principalmente en el centro-norte de la provincia. Desde hace más de una década, en el Laboratorio Mixto de Biotecnología Acuática (FCByF-UNR-CCTE-Acuario del Río Paraná) y en el Laboratorio de Genética (FHUC-UNL) venimos trabajando en el estudio de la diversidad y estructura genética de peces comerciales, como también en el desarrollo de herramientas biotecnológicas para el agregado de valor y la promoción del desarrollo de la acuicultura. El desarrollo de marcadores moleculares ha permitido llevar adelante diferentes líneas de investigación. A lo largo de estos años, ha sido posible describir el estado de conservación genética de las poblaciones e identificar stocks y/o linajes genéticos definidos tanto de poblaciones silvestres como de cultivo. El crecimiento y disponibilidad de las nuevas tecnologías de secuenciación masiva (NGS) permite la aplicación de estas técnicas a la genómica poblacional. Así es posible avanzar en una mejor caracterización del reservorio de variabilidad genética de los recursos y aplicar el conocimiento generado para elaborar planes alternativos de manejo, y la producción por piscicultura.

CV

**CITOGENÉTICA  
VEGETAL**

PLANT  
CYTOGENETICS



## CV 1

## EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS DE COLCHICINA PARA LA INDUCCIÓN DE AUTOPOLIPOIDES EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.)

Basteri C.<sup>1</sup>, L. Amato<sup>1,2</sup>, J. Di Tomasso<sup>1</sup>, E. Arias<sup>1</sup>, I. Katzaroff<sup>1</sup>, G. Nestares<sup>1,2</sup>, S. Pessino<sup>1,2</sup>, A. Ochogavía<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y UNR, Santa Fe, Argentina. clarabasteri@gmail.com

El mejoramiento genético y las tecnologías de producción son fundamentales para elevar la productividad y competitividad del girasol, el segundo cultivo oleaginoso más importante de Argentina. Estudios en autopoliploides de girasol han asociado ploidías altas con aumentos en el tamaño y peso de semillas, entre otros caracteres de interés agronómico. El objetivo de este trabajo fue comparar el efecto fitotóxico y la efectividad de diferentes concentraciones de colchicina (0% como control, 0,3% y 0,4%) para la inducción de poliploides en tres líneas de girasol (Rf974, Rf975 y HA89). Se evaluó el porcentaje de supervivencia (%S), variables morfológicas para los tres genotipos y la frecuencia de poliploides obtenidos, por citometría de flujo. A través de la prueba de chi-cuadrado se detectaron diferencias significativas para %S entre tratamientos ( $X^2=9.95^{**}$ ,  $15.44^{***}$  y  $10.09^{**}$  para Rf974, Rf975 y HA89, respectivamente), mientras que no se observaron diferencias entre genotipos. El tratamiento con 0,3% de colchicina resultó más eficiente que el de 0,4%, permitiendo obtener mayor %S (63.8%, 75% y 70% versus 50%, 40% y 45% para Rf975, Rf974 y HA89; respectivamente) y un mayor número de individuos poliploides (6 tetraploides + 1 hexaploide versus 2 tetraploides + 1 hexaploide, para 0,3% y 0,4% respectivamente). Los resultados revelan una alta fitotoxicidad del tratamiento con mayor concentración de colchicina e indican que el tratamiento con 0,3% resultaría adecuado para generar genotipos poliploides en las líneas de girasol evaluadas.

## CV 2

## EL TAMAÑO DE ESTOMAS COMO INDICADOR DE PLOIDÍA EN LÍNEAS DE GIRASOL TRATADAS CON COLCHICINA

Amato L.<sup>1,2</sup>, I. Katzaroff<sup>2</sup>, J. Di Tomasso<sup>2</sup>, C. Basteri<sup>2</sup>, E. Arias<sup>2</sup>, G. Nestares<sup>1,2</sup>, S. Pessino<sup>1,2</sup>, A. Ochogavía<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y Universidad Nacional de Rosario (UNR); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Santa Fe, Argentina. anaochogavia@conicet.gov.ar

La soja y el girasol son los cultivos mayoritarios del complejo oleaginoso argentino. La tasa limitada de desarrollo tecnológico en girasol representa un desafío para el mejoramiento genético del cultivo. Estudios previos en autopoliploides de girasol han asociado las ploidías altas con un aumento en el tamaño y el peso de semillas. Actualmente, la determinación del nivel de ploidía en el girasol se hace mediante estudios citogenéticos o citometría de flujo. En este trabajo, se generaron individuos poliploides a partir de líneas de girasol, utilizando colchicina, con el objetivo de analizar el tamaño de estomas como indicador del nivel de ploidía. Los estomas de la superficie abaxial de hojas de 31 plantas girasol con diferentes ploidías (2X, 3X, 4X y 6X) se analizaron por microscopía de contraste interdiferencial (DIC). Se midió el ancho y el largo de estomas utilizando herramientas de análisis de imágenes (software FIJI) y se analizaron mediante ANOVA (no paramétrico) Kruskal Wallis. Se identificaron diferencias significativas en el tamaño de estomas según el nivel de ploidía ( $p<0,0001$ ). Las longitudes y anchos de estomas más altos se asociaron a mayores niveles de ploidía (4X y 6X), mientras que los valores más bajos se encontraron en materiales 2X y 3X. Además, se identificó una correlación positiva significativa entre la longitud y el ancho de estomas ( $r=0,58$ ;  $p<0,0001$ ). Los resultados sugieren que el tamaño de estomas podría ser utilizado como marcador asociado al nivel de ploidía facilitando la identificación de materiales poliploides en líneas de girasol.



**FG**

**FARMACOGENÉTICA**

**PHARMACOGENETICS**





## FMG 1

## EFFECTO DE LA ADMINISTRACIÓN DE MEBENDAZOL PURO (MBZ) O EN FORMULACIONES SOBRE LA HISTOMORFOMETRÍA INTESTINAL DE RATONES CBI-IGE GENÉTICAMENTE DIFERENTES

Fusini M.E.<sup>1</sup>, R. Pistelli<sup>1</sup>, A.V. Codina<sup>1,2</sup>, P. Indelman<sup>3</sup>, M.C. Lamas<sup>4,5</sup>, L.I. Hinrichsen<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario (UNR); <sup>2</sup>CIC-UNR; <sup>3</sup>Área Parasitología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR; <sup>4</sup>Área Técnica Farmacéutica, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéutica, UNR, Rosario; <sup>5</sup>IQUIR-CONICET, Santa Fe, Argentina. matiasfusini@gmail.com

El modelo murino de trichinellosis CBI-IGE posee potencial para estudios farmacogenéticos. El MBZ, usado para tratamiento oral de parasitosis intestinales, tiene escasa solubilidad acuosa y biodisponibilidad que limitan su eficacia terapéutica. El estudio farmacocinético de MBZ puro y dos nuevos sistemas (nanopartículas, Np; complejo de inclusión, Ci) en ratones CBI+ y CBI/L mostró efectos de genotipo y sexo del hospedero. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la estructura del duodeno-yeyuno de ratones CBI+ y CBI/L y analizar su posible asociación con la biodisponibilidad y eficacia del fármaco, ya que las variaciones anatómicas y fisiológicas entre genotipos o sexos afectan los cuatro pasos principales por los que pasan los medicamentos. Machos y hembras se dividieron en 4 grupos: control o tratado con MBZ puro, Np o Ci por 3 días consecutivos (n=3 línea/sexo/grupo; 15 mg MBZ/kg). Se sacrificaron y tomaron muestras de intestino para el examen histológico. Se encontraron diferencias entre genotipos en estructura vellositaria, espesor del epitelio, celularidad y actividad mitótica en el grupo control ( $P < 0.01$ ). Se observaron cambios en altura de las vellosidades ( $P < 0.01$ ) y espesor muscular externa ( $P < 0.05$ ) en CBI/L que recibieron Np o Ci, comparados con CBI+. CBI+ tendría *per se* un entorno intestinal más desarrollado que CBI/L, las formulaciones potenciarían el desarrollo de las vellosidades, mejorando las condiciones estructurales de absorción en CBI/L. Un fenotipado intestinal detallado brindará información sobre los determinantes genéticos de estructura y función.



# GEDU

## GENÉTICA Y EDUCACIÓN

## GENETICS AND EDUCATION



## GEDU 1

**IMÁGENES Y PENSAMIENTO VISUAL: UN SALTO HACIA LA COMPRESIÓN DE LOS FENÓMENOS BIOLÓGICOS**

Martino L.<sup>1</sup> <sup>1</sup>Facultad de Filosofía y Humanidades, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina. [luciamartino1@mi.unc.edu.ar](mailto:luciamartino1@mi.unc.edu.ar)

El descubrimiento de la estructura del ADN en 1953 por medio de la manipulación de modelos físicos implicó grandes cambios en biología y ciencias afines. Wendler sostiene que uno de ellos fue en la forma de comunicar y enseñar en los manuales de texto: la biología comenzó a apoyarse en el uso de modelos visuales. El objetivo de este trabajo es buscar evidencia a favor de esta hipótesis. La metodología utilizada para esta investigación es el análisis de fuentes bibliográficas sobre el impacto del descubrimiento y se realiza una revisión de treinta manuales de enseñanza de grado, principalmente en genética. Como resultado, la revisión permite observar que los manuales están compuestos entre el 30-40% de su composición total en imágenes y que estas respaldan, representan y acompañan la argumentación teórica-conceptual. Son comunes en los manuales de genética imágenes representando el ADN, cromosomas, figuras con diagramas genéticos, relaciones de dominancia entre múltiples alelos, mitosis y meiosis, traducción de ARN, entrecruzamiento cromosómico, se ilustran experimentos con ratones, virus, etc. Este uso de imágenes, como sostiene Wendler, no es común en manuales de biología anteriores a 1953. Se concluye que las disciplinas naturales se apoyan notablemente en el uso de modelos visuales para la enseñanza y sostenemos que esta estrategia permitió el desarrollo y divulgación de disciplinas naturales cuyo objeto de estudio está a escala microscópica, como la genética.

## GEDU 2

**RELEVAMIENTO DE LA SITUACIÓN DE LOS EGRESADOS DE LICENCIATURA EN GENÉTICA DE DISTINTAS UNIVERSIDADES DE LA ARGENTINA**

Lannutti L.<sup>1,2,3</sup>, M. Auteril<sup>3</sup>, F. Pantuso<sup>2,4</sup>, F. Stella<sup>2,5</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>2</sup>Universidad de Morón (UM); <sup>3</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INTA); <sup>4</sup>Universidad del Salvador (USAL); <sup>5</sup>Hospital Posadas. Buenos Aires, Argentina. [llannutti@unimoron.edu.ar](mailto:llannutti@unimoron.edu.ar)

La Licenciatura en Genética se dicta en el país desde hace más de 50 años en la Universidad Nacional de Misiones (UNaM), 24 en la Universidad de Morón (UM), 18 en la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA) y recientemente en el Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba (IUCBC). No obstante, la información pública sobre la actividad e inserción laboral de los egresados es limitada. Con esta premisa, distribuimos encuestas a comunidades digitales de egresados. Respondieron un total de 194 egresados de diferentes Universidades (62% UNaM, 32,5% UM y 5% UNNOBA), entre 1987 y 2024. El 69% reportó al menos un posgrado, 51% con doctorado. Se observó una tasa laboral del 96,4% distribuida en: trabajo asistencial (36%), investigación (26%) y docencia (21%), seguidas por transferencia tecnológica y gestión. En cuanto a la residencia, 8% está radicado en el exterior y en Argentina residen en: Bs. As. (48,4%), Misiones (15,9%), Sta. Fe y Córdoba (4,6% c/u) y en otras provincias (26,5%). Al comparar entre Universidades, no encontramos diferencias significativas en la realización ni tipo de posgrado, tasa de adquisición de becas o tipo de actividad profesional ( $p > 0,05$ ). Fue más frecuente que doctores realicen investigación, mientras que másters se dedican con mayor frecuencia a labor asistencial y diagnóstica ( $p < 0,001$ ). Concluimos que la empleabilidad es alta, sin diferencias en el perfil académico o laboral al separar por Universidad de origen. Esperamos que este relevamiento contribuya a definir acciones que beneficien a los estudiantes y egresados de la carrera.



**GGM**

**GENÓMICA  
Y GENÉTICA  
MOLECULAR**

**GENOMICS  
AND MOLECULAR  
GENETICS**





## GGM 1

## IDENTIFICACIÓN *IN SILICO* DE DOMINIOS DE UNIÓN A LA PARED CELULAR SIN HOMOLOGÍA A SH3 EN ENDOLISINAS DE BACTERIÓFAGOS ANTI-*Staphylococcus aureus*

Carrasco S.T.<sup>1</sup>, H.R. Morbidoni<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Santa Fe, Argentina. solc.carrasco@gmail.com

Las endolisinas son enzimas producidas por bacteriófagos cuya función es degradar el peptidoglicano de la pared bacteriana, permitiendo la liberación de los nuevos viriones formados durante la replicación fágica. Estas enzimas constan de un dominio de acción enzimática (EAD) y un dominio de unión a la pared celular (CBD), responsable de la especificidad de bacteria blanco. Por su especificidad y actividad sobre cepas resistentes a antibióticos, las endolisinas han generado interés como agentes terapéuticos potenciales. Se creó un clasificador automático de endolisinas utilizando el algoritmo de aprendizaje automático Support Vector Machine utilizando R Software, y se analizaron las secuencias de numerosos fagos aislados en nuestro laboratorio activos contra el patógeno de relevancia médica y creciente resistencia a antibióticos *Staphylococcus aureus*. Nuestro análisis diferencia seis tipos de endolisinas según sus dominios; llamativamente, dos tipos en los fagos vB\_SauS\_287 y vB\_SauS\_713 (UKM35866.1, UKM36192.1) no presentan homología de los CBDs a SH3 conocida. De esta forma se constató que estas endolisinas pertenecían al grupo\_V con CBDs no homólogos a SH3 diferenciando los mismos del grupo\_IV, con el cual comparten los dominios EAD. Ambas enzimas, junto al dominio SH3 de una endolisina del grupo\_IV (UKM35796.1) fueron modeladas utilizando AlphaFold Server, constatando la presencia de un dominio funcional similar a SH3 aunque no idéntico. Estos resultados son de importancia para la construcción de genes sintéticos con combinación de distintos dominios funcionales.

## GGM 2

## BIOMARCADORES MOLECULARES EN GLIOMAS: UN AVANCE EN EL DIAGNÓSTICO PRECISO

Bastone L.C.<sup>1</sup>, M.F. Ruiz<sup>2</sup>, M.V. Gennaro<sup>3,4</sup>, A. Godoy<sup>3</sup>, J. Acosta<sup>1</sup>, G.R. Perez<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Gammalab (Grupo Gamma); <sup>2</sup>División de Neuropatología, Hospital Nacional de Neurología y Neurocirugía, Londres, Reino Unido; <sup>3</sup>Centro de Diagnóstico Patológico SRL (Grupo Gamma); <sup>4</sup>Servicio de Anatomía Patológica (HECA); <sup>5</sup>Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe, Argentina. gperez@fbioyf.unr.edu.ar

Los gliomas son los tumores primarios del Sistema Nervioso Central más frecuentes en adultos. Incluyen astrocitomas (A), oligodendrogliomas (O) y glioblastomas (GBM), con grados (G) pronósticos II, III, IV. En 2016 la Organización Mundial de la Salud (OMS) incluyó 2 biomarcadores moleculares (BM) para un diagnóstico integrado adecuado al comportamiento biológico tumoral. En 2021, se revisó la nomenclatura e incorporó nuevos BM para definir el GBM. Con el objetivo de reclasificar los tumores según recomendación OMS-2021 en muestras de pacientes de dos Servicios de Anatomía Patológica de Rosario, se analizaron pacientes entre 22 a 83 años con biopsia de tumor glial y diagnóstico entre 2005 y 2019 y se revisaron cortes histológicos, estudios inmunohistoquímicos (GFAP, Ki67 y R132H-IDH1) y moleculares (MLPA y secuenciación génica) para identificar variantes (m) en genes *IDH1/IDH2* y promotor del gen *TERT*; codeleción 1p19q (codel), variación en número de copias (CNV) de los genes *CDKN2A/2B*, *PDGFRA* y *EGFR*, y presencia de variante *EGFRvIII*. Se estudiaron 119 casos (41 femeninos/78 masculinos). Revisión OMS 2016: 78 GBMwt, 7 GBMm, 10 A[III]wt, 6 A[III]m, 2 A[II]wt, 8 A[II]m, 5 O[II]m/codel y 3 O[III]m/codel. OMS 2021: 86 GBMwt, 8 A[IV]m, 2 A[III]wt, 5 A[III]m, 2 A[II]wt, 8 A[II]m, 5 O[II]m/codel y 3 O[III]m/codel. Las revisiones demostraron que los BM permiten una mejor clasificación tumoral. El 7,6% de las entidades fueron reclasificadas con OMS-2021. Los cambios moleculares en el tumor permitirán la búsqueda de terapias personalizadas, específicas y menos tóxicas.

## GGM 3

## EXPRESIÓN DE LOS RECEPTORES TIROSINA QUINASA TAM Y SUS LIGANDOS EN PACIENTES CON LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA BAJO TRATAMIENTO CON IMATINIB

Fiorito A.<sup>1</sup>, J. Toloza<sup>1</sup>, E.A. Carrera Silva<sup>1</sup>, R. Mariano<sup>2</sup>, B. Moiraghi<sup>3</sup>, A. Marti<sup>4</sup>, A. Enrico<sup>5</sup>, M. Pérez<sup>6</sup>, P. Negri Aranguren<sup>7</sup>, I. Larripa<sup>1</sup>, C. Belli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Medicina Experimental, IMEX-CONICET, Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires; <sup>2</sup>Hospital "San Martín de Paraná"; <sup>3</sup>Hospital Ramos Mejía, Buenos Aires; <sup>4</sup>Hospital de Alta Complejidad en red "El Cruce", Florencio Varela; <sup>5</sup>Hospital Italiano, La Plata; <sup>6</sup>Hospital Interzonal General de Agudos "Prof. Dr. Rodolfo Rossi", La Plata; <sup>7</sup>Instituto Privado de Hematología y Hemoterapia. Buenos Aires, Argentina. agustinafiorito@hotmail.com

La leucemia mieloide crónica se caracteriza por el reordenamiento BCR-ABL1 con actividad tirosina quinasa (TK) constitutiva. Los receptores TYRO3, AXL y MERTK (TAM) y sus ligandos GAS6/PROS1 son inmunomoduladores, promotores de supervivencia, migración y resistencia a tratamiento. El objetivo fue describir la expresión génica de los receptores TAM y sus ligandos en pacientes durante el primer año de tratamiento con Imatinib, inhibidor de TK. Se analizaron muestras de 32 controles sanos, 15 pacientes al diagnóstico y bajo Imatinib a los tres (37), seis (33) y 12 (33) meses. La expresión génica se calculó por el método  $2^{-\Delta CT}$  respecto a los genes control GAPDH y HPRT1. Al diagnóstico, la expresión de todos los genes se encontraba disminuida respecto de los controles ( $p < 0,05$ ). AXL y MERTK permanecieron disminuidos durante el tratamiento ( $p < 0,01$ ). TYRO3 normaliza su expresión a los tres meses en no respondedores (NResp), con un descenso a los 12 meses ( $p = 0,0002$ ), y, en respondedores (Resp), desde los seis meses. GAS6 alcanza niveles normales a los tres meses, disminuyendo transitoriamente a los seis meses ( $p = 0,0098$ ) en NResp y, en Resp. a los 12 meses con tendencia desde los seis meses ( $p = 0,0864$ ). PROS1 se normaliza sólo en los NResp a los 12 meses, con un incremento significativo respecto a sus niveles basales a partir de los seis meses en Resp y a los 12 meses en NResp. Ningún gen mostró diferencias significativas entre los Resp y NResp. Imatinib influye en la dinámica de expresión del receptor TYRO3 y de los ligandos GAS6/PROS1. AXL y MERTK no varían sus niveles durante el período evaluado contribuyendo a la disfuncionalidad de las vías que regulan.

## GGM 4

## CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y ANÁLISIS COMPARATIVO DEL GENOMA CLOROPLÁSTICO DE *Podostemum comatum* HICKEN (PODOSTEMACEAE)

Piloni F.J.<sup>1</sup>, C.B. Percuoco<sup>1,2</sup>, M. Grabile<sup>1</sup>, N.L. González<sup>1</sup>, M.E. Rodríguez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNaM); <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (IBS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-UNaM. Misiones, Argentina. pilonifrancojoaquin@gmail.com

Las podostemáceas son plantas reófilas que crecen en correderas, saltos y rápidos, sometidas a la fuerte tracción del agua. Para la provincia de Misiones se han citado cinco géneros: *Apinagia*, *Marathrum*, *Mourera*, *Podostemum* y *Tristicha*, representados por nueve especies. Actualmente existen 17 genomas cloroplásticos de la familia Podostemaceae disponibles en GenBank; sin embargo, ninguno pertenece al género *Podostemum*. El objetivo de este estudio fue caracterizar y comparar el genoma cloroplástico (ADNcp) de *Podostemum comatum* con el de otras especies de la familia, considerando su tamaño, estructura y contenido génico. Se llevó a cabo una extracción de ADN genómico total de una muestra del Parque Provincial de las Sierras Ing. Martínez Crovetto, Misiones, que fue posteriormente secuenciado mediante *next generation sequencing*. Para el ensamblaje del ADNcp, se utilizaron los softwares Novoplasty y GetOrganelle, obteniéndose un genoma de 132.723 pb. Los genes se identificaron mediante una búsqueda de marcos de lectura abiertos y se corroboró su identidad utilizando BLAST. El ADNcp de *P. comatum* posee un total de 109 genes diferentes, de los cuales 75 codifican para proteínas, 30 para ARNt y cuatro para ARNr y es conservado respecto al número y disposición de genes en relación con los genomas conocidos de la familia, incluyendo una inversión de aproximadamente 49.000 pb en la región copia única grande (LSC). Este es el primer genoma cloroplástico descrito para el género *Podostemum* y aporta información relevante para estudios filogenéticos y filogeográficos de la familia.

## GGM 5

**PLASTOMAS DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* Y *Parapitadenia rigida* (LEGUMINOSAE), ESPECIES NATIVAS DE LOS BOSQUES DE MISIONES**

Barrandeguy M.E.<sup>1,2</sup>, M.E. Roulet<sup>3</sup>, M.V. Sánchez Puerta<sup>3</sup>, V. Mogni<sup>4</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical-, Nodo Posadas, UNaM-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>3</sup>IBAM, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo (UNCu) y CONICET, Mendoza, Argentina; <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe, Argentina. ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

La secuencia completa del genoma cloroplástico o plastoma constituye una fuente de datos genómicos de utilidad para estudios filogenéticos, filogeográficos, genético-poblacionales y forenses. En el presente trabajo se secuenció y ensambló el plastoma de dos especies forestales de la Tribu Mimoseae, Subfamilia Caesalpinioideae (Leguminosae). Se extrajo ADN genómico a partir de hojas y se secuenció empleando la plataforma Illumina obteniéndose 17 y 36 millones de pares de lecturas en *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil* y *Parapitadenia rigida* (Benth.) Brenan, respectivamente. El ensamble de estos plastomas se realizó utilizando como referencia los plastomas de especies cercanamente emparentadas disponibles en bases de datos públicas. Los plastomas se anotaron para describir el contenido y posición de los genes. El genoma ensamblado de *A. colubrina* var. *cebil* presenta una longitud de 163.875 pb mientras que el de *P. rigida* un total de 162.406 pb. Ambos presentaron la estructura cuatripartita característica con una región de copia simple larga, una región de copia simple corta y dos regiones repetidas invertidas. Los plastomas de ambas especies presentaron 113 genes, incluyendo 79 genes codificantes de proteínas, 30 ARNt y 4 ARNr. La información obtenida será empleada en estudios filogenómicos para analizar las relaciones filogenéticas y taxonómicas con las especies de la subfamilia que disponen de información plastómica.



GH

GENÉTICA  
HUMANA

HUMAN  
GENETICS



## GH 1

## MODELO CELULAR PARA LA CARACTERIZACIÓN DE VARIANTES GÉNICAS ASOCIADAS A LA AFECTACIÓN OCULAR DEBIDA A DESÓRDENES CONGÉNITOS DE LA GLICOSILACIÓN

Cubilla M.<sup>1,2</sup>, A.C. Sclausero <sup>2</sup>, G. Pigino<sup>1,2</sup>, C. Asteggiano<sup>1,2,3</sup>.

<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científica y Técnicas (CONICET); <sup>2</sup>Unidad Asociada CONICET-Hospital de Niños de la Santísima Trinidad; <sup>3</sup>Centro de Estudio de las Metabolopatías Congénitas (CEMECO-UNC). Córdoba, Argentina. maecubilla@gmail.com

Los desórdenes congénitos de la glicosilación (CDG), enfermedades metabólicas hereditarias debidas a la alteración de la vía de los glicoconjugados, constituyen un grupo de patologías multisistémicas de herencia autosómica recesiva. El fenotipo clínico es variado y complejo, predominando manifestaciones multiorgánicas y neurológicas. La glicosilación está regulada por más de 250 genes, cuyas mutaciones pueden resultar en CDG. La identificación de nuevos genes ha sido exponencial y su caracterización facilitaría el conocimiento de nuevos blancos terapéuticos. El 60 % de la N- u O-glicosilación presenta afectación ocular, resultando en degeneración y muerte de fotorreceptores. La línea celular de ratón 661W, constituida por células inmortalizadas derivadas de retina que expresan marcadores moleculares oculares específicos, representa un modelo in vitro útil para determinar el mecanismo de la afección ocular por CDG. Los efectos moleculares de la variante *ALG2* (c.752G>T (p.Arg251Leu)) detectada en homocigosis se estudiaron en células 661W transfectadas con cDNA con la mutación *ALG2*<sup>p.Arg 251\*/p.Arg251</sup>. Se analizaron cambios en la expresión génica mediante RT-PCR y Western blot y en la localización subcelular por inmunocitoquímica. Observamos un aumento en la expresión de *ALG2* congruente con la transfección realizada, aunque serán necesarias pruebas funcionales para evaluar el efecto de esta variante. Nuestros resultados indican que 661W sería un modelo útil para evaluar los efectos de esta mutación, permitiendo correlacionar mecanismos patológicos con la progresión clínica.

## GH 2

## PRIMEROS RESULTADOS SOBRE LA VARIACIÓN DE DOS SNPS ASOCIADOS A ENFERMEDAD DE ALZHEIMER DE INICIO TARDÍO EN LA POBLACIÓN BONAERENSE

Creo V.P.<sup>1,2,3</sup>, M.C. Dalmasso<sup>4</sup>, A. Ramirez<sup>5</sup>, D. Cristalli<sup>6</sup>, N. Arna<sup>2,3</sup>, C.I. Catanesi<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-Comisión de Investigaciones de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA)-Universidad Nacional de La Plata (UNLP), Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Bioquímicas de La Plata (CONICET-UNLP), Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, Argentina; <sup>4</sup>Estudios en Neurociencias y Sistemas Complejos (CONICET-HEC-UNAJ), Argentina; <sup>5</sup>Departamento de Psiquiatría, Facultad de Medicina, Universidad de Colonia, Alemania; <sup>6</sup>Asociación Lucha contra el Mal de Alzheimer y Alteraciones semejantes de la República Argentina (A.L.M.A La Plata), Argentina. victoriacreo1997@gmail.com

La enfermedad de Alzheimer de inicio tardío (LOAD: late onset Alzheimer's disease) es una forma progresiva y debilitante de neurodegeneración que afecta a personas adultas mayores de 55 años. Si bien no se conoce aún su etiología, se sabe que la interacción de algunos genes con factores medioambientales favorece su desarrollo dependiendo en parte del origen étnico-geográfico del individuo, debido a variantes exclusivas de ciertas poblaciones. La presencia de ciertas variantes genéticas vinculadas con el metabolismo del colesterol puede favorecer el desarrollo de LOAD, entre ellos rs3761740 del promotor del gen *HMGCR* y rs1801282 del gen *PPAR $\gamma$* . El objetivo del trabajo es caracterizar dichos SNPs en la población bonaerense y evaluar su asociación con LOAD. Se extrajo ADN a partir de sangre de 38 pacientes del Hospital de Gonnet (La Plata) y 32 voluntarios sanos como controles, previa firma de consentimientos informados. Las variantes mencionadas fueron tipificadas mediante New Illumina GSAMD Array y se evaluó el Odds Ratio (OR) para determinar asociación. Los datos se analizaron con los programas Genalex v6.5, Arlequin v35 y la plataforma web SNPstats. Los resultados mostraron que *HMGCR*-rs3761740 en la población bonaerense estaría asociado al desarrollo de LOAD, ya que presentó un O.R. de 3,45 (p=0,062) cerca de la significancia para un intervalo de confianza del 95%, no así para la variante de *PPAR $\gamma$* . Estos resultados preliminares se analizarán en un mayor número muestral, a fin de comprobar si continúa la tendencia observada en esta primera instancia.

### GH 3

## REPORTE DE TRES CASOS DE ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS EN HOMBRES CON INFERTILIDAD

Fargnoli L<sup>1</sup>, L. Bacchiddu<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Especialidades Médicas Ambulatorias Privadas (CEMAP); <sup>2</sup>BIOgenetics Laboratorio, Santa Fe, Argentina. doc.fargnoli@gmail.com

La infertilidad es la incapacidad de lograr un embarazo después de 12 meses de relaciones sexuales sin protección. Puede ser primaria (con hijos previos) o secundaria (sin hijos previos) y afecta al 15 % de las parejas que buscan embarazo. El cariotipo es una herramienta muy útil para evaluar dotación cromosómica. Se investigó el tipo y frecuencia de los polimorfismos cromosómicos que se presentan en la población de parejas infértiles que concurren al servicio, con abortos a repetición y en las que los varones muestran alteraciones espermáticas. Se reportan ocho casos de parejas infértiles estudiadas en el año 2023, con diagnóstico de infertilidad en los hombres. Se recabaron los datos pertinentes en una consulta por infertilidad (datos personales y antecedentes), se evaluó la morfología del semen y se determinó el cariotipo en linfocitos de sangre periférica utilizando la técnica para bandeado G. Tres de los pacientes (37,5 %) presentaron alteraciones cromosómicas, identificándose los heteromorfismos cromosómicos A: 46,XY,9qh+, B: 46,XYqh+ y C: 46,XY,21ps+. Estos resultados se correlacionaron con el hallazgo de alteraciones morfológicas espermáticas clasificadas según los criterios de Kruger, logrando establecer asociación entre las alteraciones espermáticas de los varones de estas parejas infértiles y los polimorfismos reportados. El cariotipo en la consulta por infertilidad permite conocer una de las posibles causas de alteraciones espermáticas y, así, enriquecer el asesoramiento genético y buscar estrategias para mejorar los resultados reproductivos y reducir los abortos.

### GH 4

## DESARROLLO DE UNA TÉCNICA MULTIPLEX-PCR PARA SECUENCIACIÓN DE LA REGIÓN CONTROL DEL ADNmt (RC) EN MUESTRAS DE MATERIAL GENÉTICO DEGRADADO

Samsonowicz T.<sup>1</sup>, A.C. Mayordomo<sup>1</sup>, D. Cardozo<sup>1</sup>, S. Ginart<sup>1</sup>, N. Furman<sup>1</sup>, F. Gagliardi<sup>1</sup>, M. Herrera Piñero<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Banco Nacional de Datos Genéticos, Buenos Aires, Argentina. tsamsonowicz@bndg.gob.ar

El Banco Nacional de Datos Genéticos realiza exhumaciones para tomar muestras biológicas de restos humanos (RH) de individuos fallecidos cuya información genética es necesaria para la lograr la identificación de los hijos de los desaparecidos durante la última dictadura cívico-militar. Estas muestras, que son procesadas para obtener su perfil genético, presentan diferentes tipos y tiempos de inhumación y esto impacta diferencialmente en su preservación, pero todas presentan un alto grado de degradación del ADN. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados obtenidos mediante el desarrollo y puesta a punto de una metodología de secuenciación de la RC mediante una PCR *multiplex* a partir de muestras de bajo contenido de ADN. Las pruebas se realizaron sobre el ADN extraído a partir de ocho muestras de RH mediante extracción con *AutoMate Express™ Forensic DNA Extraction System*. La amplificación se realizó utilizando el kit QIAGEN Multiplex PCR (Qiagen) en dos mezclas de reacción: una con cuatro pares de *primers* y otra conteniendo uno o dos pares de *primers* diseñados específicamente para obtener la RC completa. La implementación de esta metodología de trabajo permitió reducir un 65% el volumen necesario de muestra de ADN, acortar los tiempos y costos de procesamiento y obtener la secuencia de la RC completa, apta para realizar las comparaciones genéticas correspondientes contra la base de datos disponible en el BNDG. Esto resulta fundamental para el análisis de muestras de las cuales se dispone de escaso volumen de ADN extraído y/o material genético degradado.



# GMA

## GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

## ANIMAL GENETICS AND BREEDING



## GMA 1

## RESPUESTA A LA SELECCIÓN DIVERGENTE DE PESO DURANTE 100 GENERACIONES EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE RATONES

Ciminari J.<sup>1</sup>, M.I. Oyarzabal<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); <sup>2</sup>Centro de Investigación con Animales de Laboratorio, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNR, Rosario, Santa Fe, Argentina. jesicaciminari@hotmail.com

La respuesta a la selección artificial a largo plazo puede considerarse una serie de tiempo donde la unidad temporal corresponde a una generación. Con el propósito de modelar la respuesta a la selección de peso, se aplicó esta metodología en 100 generaciones de una población testigo (t) no seleccionada, con  $N_e \leq 40$ , y dos pares de líneas endocriadas ( $N_e \leq 8$ ) de selección divergente para peso: s y h: selección negativa, s' y h': selección positiva. Se estimaron para el peso promedio por generación, en ambos sexos, las autocorrelaciones y autocorrelaciones parciales, se ajustaron 3 modelos: constante, lineal y polinómico de segundo grado, tomando como criterio para la elección del modelo el que presentó menor valor del BIC (Criterio de información Bayesiano). Se estimaron los puntos de corte mediante la función *breakpoints* del *software* estadístico R. Las autocorrelaciones significativas ( $p < 0,05$ ) fueron:  $r_1$  (t) y al menos hasta  $r_{10}$  en las líneas seleccionadas, a excepción de la línea h que lo fueron hasta  $r_5$ . El modelo que mejor ajustó el peso promedio por generación fue el lineal para s, s' y h' en ambos sexos, y polinómico para t y h, a excepción del lineal en hembras t; con 2 (t) y entre 3 y 4 puntos de corte en el resto de las líneas y ambos sexos. Cada punto de corte indica un salto en la evolución de peso, con incrementos en las líneas de selección positiva e inversiones periódicas de las respuestas de las negativas. Estos resultados indican que existen restos de variabilidad genética para peso y resistencia a la selección en las líneas negativas.

## GMA 2

## EVOLUCIÓN DE LAS COMPONENTES DE LA VARIANCI A FENOTÍPICA A LARGO PLAZO EN LÍNEAS DE RATONES ENDOCRIADAS Y SELECCIONADAS POR PESO

Orozco N.<sup>1</sup>, M.I. Oyarzabal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigación con Animales de Laboratorio, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe, Argentina. nicosgregorio@gmail.com

La evolución de la variancia genética a largo plazo se ha evaluado en modelos experimentales, generalmente, en poblaciones con una amplia base genética original. En teoría, la variabilidad genética de las cepas de *Mus musculus* es prácticamente nula. Sin embargo, a partir de una población (t) derivada de la cepa CF1, con  $N_e \leq 40$ , no seleccionada, se obtuvo respuesta a la selección en un par de líneas endocriadas y seleccionadas para peso a los 49 días (P) derivadas de t (s: bajo P, s': alto P), demostrando la existencia de variancia genética. Se estimó la evolución de las componentes de la variancia fenotípica de P ( $V_f$ ): genética aditiva ( $V_a$ ) y residual ( $V_r$ ) durante 95 generaciones, con  $Mna.F > 0,97$  y  $Mna.F > 0,54$  en la generación actual del par s y t, respectivamente, estimadas desde la fundación de las líneas. Cada diez generaciones, se ajustaron modelos mixtos univariados (*software* Wombat). Se eligió  $Y = \mu + a + e$ , Y: P, a: efecto fijo sexo, a: efecto aleatorio animal, e: error aleatorio, por presentar el menor valor del indicador  $1/2BIC$ . Los resultados mostraron una composición estable de  $V_f$  en valores relativos ( $V_a/V_f$  y  $V_r/V_f$ ) durante todo el proceso en t. En ambas líneas seleccionadas,  $V_f$  se incrementó y varió su composición relativa. Al inicio,  $V_f$  quedó particionada en:  $V_a/V_f = 0,44$  y  $V_r/V_f = 0,56$ ;  $V_a'/V_f' = 0,36$  y  $V_r'/V_f' = 0,64$ . Actualmente,  $V_a/V_f = 0,99$  y  $V_r/V_f = 0,01$ ;  $V_a'/V_f' = 0,97$  y  $V_r'/V_f' = 0,03$ . El incremento relativo de  $V_a$  y la disminución de  $V_r$  demuestran la resistencia a la pérdida de variabilidad genética y el control ambiental existente en el bioterio.

### GMA 3

## EFFECTOS SOBRE EL DESEMPEÑO PRODUCTIVO DE VACAS HOLANDO X JERSEY MANTENIDAS POR UN CRUZAMIENTO ROTACIONAL

Vera M.<sup>1</sup>, L. Franco<sup>1</sup>, M. Maciel<sup>1,2</sup>, M. Pece<sup>1</sup>, E. Salado<sup>1</sup>, L. Romero<sup>1,3</sup>.

<sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL); <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Santa Fe, Argentina.

vera.milba@inta.gob.ar

Con el objetivo de estimar los efectos aditivos (A), de heterosis (H) y de pérdida de recombinación (R) sobre los litros de leche, gramos de grasa y proteína corregidos a 305 días de lactancia, se analizaron 1063 registros productivos y genealógicos de 592 hembras. El efecto de A (diferencia aditiva entre razas) se expresó como el porcentaje de Jersey (Je) respecto a Holando (Ho), la  $H=(Ps*(1-Pm))+(Pm*(1-Ps))$  y  $R=(Ps*(1-Ps))+(Pm*(1-Pm))$ , donde  $Ps=A$  del padre y  $Pm=A$  de la madre. Se ajustó un modelo lineal mixto con medidas repetidas utilizando el programa RStudio. La edad al parto en meses (99 niveles: 18 a 140), el número de lactancia (1°, 2° y 3°), la estación (otoño y primavera) y el año del parto (15 niveles: 2004 al 2018) se consideraron efectos fijos ambientales, mientras que A (21 niveles: 0,12 a 0,94), H (13 niveles: 0,12 a 1) y R (ocho niveles: 0 a 0,25) fueron efectos fijos del cruzamiento; el individuo se calificó como efecto aleatorio. Los efectos ambientales resultaron estadísticamente significativos para leche, grasa y proteína, a excepción de la estación que fue no significativa para grasa y proteína. A resultó significativo para los tres caracteres; H y R resultaron significativos solo para grasa. La variación del desempeño productivo estaría afectada por la diferencia aditiva entre las razas; sobre el contenido de grasa de la leche influirían, además, la heterosis y la pérdida de recombinación. Es importante estimar estos efectos para el desarrollo de planes de cruzamientos o selección en poblaciones multirraciales.

# GMO

## GENÉTICA DE MICROORGANISMOS

## GENETICS OF MICROORGANISMS



## GM01

## SELECCIÓN DE GENES PARA LA EVALUACIÓN DE LA RESPUESTA A ESTRÉS EN *Lactiplanti bacillus plantarum*

Lannutti L.<sup>1,2,3</sup>, N.T. Olguin<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón (UM); <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>3</sup>Instituto de Patobiología Veterinaria (IPVET), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Castelar. Buenos Aires, Argentina.  
llannutti@unimoron.edu.ar

Varias especies de bacterias ácido lácticas (BAL) pueden realizar la fermentación maloláctica siendo *Oenococcus oeni*, la más estudiada y utilizada como cultivo iniciador. No obstante, en la última década, *Lactiplantibacillus plantarum* se empezó a considerar como una especie alternativa debido a que exhibe un perfil enzimático más diverso que *O. oeni*, que podría desempeñar un papel importante en la modificación del perfil aromático del vino. Desde el punto de vista microbiológico, el vino es un ambiente hostil debido a su alto contenido de etanol, bajo pH, presencia de SO<sub>2</sub> y otras moléculas. No todas las especies o cepas de BAL son capaces de sobrevivir en estas condiciones y por eso hay interés en este proceso. A la fecha existen análisis sobre la expresión de genes que pueden jugar un rol en la supervivencia de las BAL en las condiciones del vino, en su mayoría con *O. oeni*, siendo muy escasa la información disponible para *Lpb. plantarum*. El objetivo de este trabajo fue buscar en el genoma de *Lpb. plantarum* secuencias homólogas a los genes que en diferentes cepas de *O. oeni* presentan un cambio de expresión en presencia de etanol. De 12 genes elegidos, encontramos que 8 de ellos poseen una proteína homóloga en *Lpb. plantarum*, con un porcentaje de similitud igual o superior al 70 %. Se identificaron los genes que producen estas proteínas y en una próxima etapa se planteará un análisis de expresión de estos blancos. La selección de estos genes es importante para el estudio fenológico de estas bacterias, que poseen gran valor potencial para la industria enológica.





# GPE

## GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

## POPULATION GENETICS AND EVOLUTION



## GPE 1

## VARIACIÓN FENOTÍPICA EN CARACTERES DE EMERGENCIA DE PLÁNTULAS DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* (LEGUMINOSAE): ¿ADAPTACIÓN O SOLO AZAR?

Torres A.S.<sup>1</sup>, A.L. Goncalves<sup>1,2</sup>, M. Heuertz<sup>3</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones;

<sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET), Misiones, Argentina; <sup>3</sup>IOGECO, INRAE, Universidad Bordeaux, Cestas, Francia. andre.torres9606@gmail.com

Los caracteres fenotípicos vinculados al establecimiento inicial de las plántulas pueden estar sujetos a la acción de la selección natural. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan es una especie arbórea pionera con elevado potencial de germinación y establecimiento en áreas abiertas. Se evaluó la variación en caracteres de emergencia de plántulas y se testó su valor adaptativo en poblaciones del Sur de Misiones. Se colectaron muestras de frutos maduros de 17 árboles madre en tres sitios. Se sembraron 524 semillas identificadas de acuerdo al árbol madre. Se estimaron parámetros germinativos y se registraron los caracteres tiempo en días de aparición de ápice caulinar, primera y segunda hoja. Se evaluó la variación de los caracteres con medidas de tendencia central, de dispersión y comparando medianas entre familias y sitios. Se cuantificó la estructura genética mediante la estimación del índice  $F_{ST}$  considerando 25 loci SSRseq mediante un Análisis de Varianza Molecular. Se estimó el índice  $Q_{ST}$  a partir de las varianzas entre sitios y entre familias de medio-hermanos. Se testó el valor adaptativo de los caracteres comparando  $Q_{ST}-F_{ST}$ . Se detectaron elevadas frecuencias de germinación y heterogeneidad temporal en la germinación y en la emergencia de plántulas. Se detectó moderada estructura genética poblacional ( $F_{ST}=0,15$ ) y ausencia de diferenciación a nivel del carácter diferencia en días de aparición de hojas ( $Q_{ST}=0$ ). La comparación de estos índices no permite descartar la posible acción de la deriva genética como causa de la diferenciación fenotípica para el carácter analizado entre sitios.

## GPE 2

## DISPERSIÓN ALÉLICA VÍA POLEN Y FECUNDACIÓN CRUZADA: BASES DE LA CONECTIVIDAD GENÉTICA INTERFAMILIAR DE *Anadenanthera colubrina* (LEGUMINOSAE)

Goncalves A.L.<sup>1,2</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>, M. Heuertz<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET), Misiones, Argentina; <sup>3</sup>BIOGECO, INRAE, Universidad Bordeaux, Cestas, Francia. alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

En poblaciones de especies arbóreas las escalas espaciales de dispersión de polen y las tasas de fecundación cruzada regulan el movimiento efectivo de alelos en el paisaje. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan es una especie recomendada para la recuperación de la cubierta boscosa en áreas degradadas. Se caracterizó el sistema de fecundación y la dispersión alélica vía polen en dos poblaciones naturales de esta especie en el sur de Misiones. Se genotipificaron individuos provenientes de 25 familias (25 árboles madre y 458 plántulas) y 47 posibles donantes de polen mediante 25 loci SSRseq. Se detectaron elevadas tasas de fecundación cruzada multilocus ( $t_m=1,20$ ) y de fecundación cruzada promedio por locus ( $t_s=0,87$ ). Tanto la correlación de paternidad multilocus como las tasas de endogamia biparental resultaron bajas detectándose un número efectivo de donantes de polen  $N_{ep} \approx 4$  por árbol madre. Considerando las 25 familias, se infirió la contribución de 142 árboles donantes de polen, de los cuales 17 fueron identificados en la muestra con distancias lineales promedio de dispersión de polen  $\bar{d}=142m$  y una  $d_{m\acute{a}x}=686m$ . A nivel de plántulas se identificaron 797 pares de hermanos completos y 4303 pares de medio-hermanos. Los árboles madre comparten nubes de polinización, originando progenie con baja endogamia mediante elevadas tasas de fecundación cruzada. El movimiento de polen a moderadas distancias y un sistema de fecundación caracterizado por la alogamia operarían como procesos cohesivos manteniendo la conectividad genética entre familias de *A. colubrina* en bosques remanentes del sur de Misiones.

## GPE 3

## ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Parapiptadenia rigida* (LEGUMINOSAE): UNA ESPECIE DOMINANTE EN REMANENTES DE BOSQUE ATLÁNTICO EN MISIONES

Navarro M.<sup>1</sup>, A.L. Goncalves<sup>1,2</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>, M.V. García

<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM); <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas, UNaM- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Misiones, Argentina. maqui.navarro14@gmail.com

La provincia de Misiones resguarda una de las mayores áreas continuas remanentes del Bosque Atlántico, áreas en las cuales *Parapiptadenia rigida* (Benth.) Brenan se encuentra ampliamente distribuida. Con el objetivo de determinar la cantidad y distribución de la variabilidad genética neutral en poblaciones naturales de esta especie en Misiones se tomaron muestras de cuatro sitios: San Ignacio, Eldorado, Cuña Pirú y Barra Machado. Se genotipificaron 37 individuos mediante cuatro *loci* SSR específicos, se caracterizó y cuantificó la diversidad genética nuclear por medio de la estimación de parámetros genéticos, se determinó el grado de estructuración genética poblacional mediante la estimación del índice  $F_{ST}$  y mediante inferencia Bayesiana. Se estimó el coeficiente de endogamia  $F_{IS}$ , se analizó la representatividad de la diversidad genética y se estimó el flujo génico. Se detectó elevada diversidad genética poblacional, dos *clusters* genéticos y estructuración genética elevada a nivel de sitios  $F_{ST}=0,21$  y muy elevada a nivel de *clusters*  $F_{ST}=0,34$ . Los sitios Cuña Pirú y Eldorado presentaron endogamia ( $F_{IS}=0,46$  y  $0,19$ ) como consecuencia de posibles eventos de fecundación cruzada entre individuos emparentados espacialmente agrupados. Cuña Pirú fue el sitio más representativo de la diversidad genética y Barra Machado presentó la mayor diferenciación genética con respecto al complemento. Se evidenció flujo génico histórico mayor al flujo génico reciente, resultado que podría ser explicado como consecuencia de la fragmentación del paisaje del Bosque Atlántico en Misiones.

## GPE 4

## CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE *Brassica rapa* EN ARGENTINA MEDIANTE GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN (GBS)

Tillería S.<sup>1,2</sup>, C. Pandolfo<sup>1</sup>, A. Presotto<sup>1,2</sup>, M.S. Ureta<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS); <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-UNS. Buenos Aires, Argentina. tilleria.sofia@gmail.com

*Brassica rapa* L. (nabo) es una maleza ampliamente distribuida en Argentina. En los últimos años, se han identificado biotipos resistentes a herbicidas (e.g., glifosato e imidazolinonas), incrementando la superficie invadida por esta especie. A pesar de su importancia, el origen y la diversidad genética del nabo en el país son desconocidos. El objetivo fue determinar la estructura y diversidad genética de poblaciones argentinas de *B. rapa* utilizando la técnica de genotipificación por secuenciación (GBS). Se evaluaron 58 muestras de 15 poblaciones colectadas en diferentes regiones del país, identificándose 35.951 SNPs. Mediante los programas ADMIXTURE y Population, se determinó la estructura y diversidad genética. Estos análisis definieron cuatro grupos, sugiriendo que las poblaciones de *B. rapa* argentinas no tendrían un origen único. Poblaciones colectadas en la misma región en diferentes años, mostraron diferenciación en la composición genética, evidenciando cambios evolutivos a lo largo del tiempo. La mayor diferenciación genética se encontró entre dos poblaciones provenientes de ambientes contrastantes (Río Negro vs. Tucumán) ( $F_{ST}=0,23$ ), lo que podría deberse a diferentes introducciones o a la adaptación local. El análisis de estructura genética mostró que las poblaciones argentinas tendrían una ascendencia común con el morfotipo “turnip” cultivado por su raíz engrosada. Los cambios en la estructura genética no se asociaron a la presencia de las resistencias. Este es el primer estudio que caracteriza la diversidad genética de las poblaciones argentinas de nabo.

## GPE 5

## CARACTERIZACIÓN DE CUATRO POBLACIONES DE *Piptochaetium napostaense* (SPEG.) HACK. (FLECHILLA NEGRA): FORRAJERA NATIVA DE CALIDAD APTA PARA RESTAURAR PASTIZALES DEGRADADOS

Cuppari S., M. Careddu<sup>1</sup>, E. González<sup>1</sup>, Y. Torres<sup>1,2</sup>, C. Milano<sup>3</sup>, M.C. Scarfo<sup>3</sup>, D.A. Rodríguez<sup>3</sup>, M.S. Ureta<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS); <sup>2</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CICPBA); <sup>3</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)-UNS. Buenos Aires, Argentina. selva.cuppari@gmail.com

Los pastizales del Sudoeste Bonaerense (SOB) y La Pampa (LP) se encuentran degradados debido a factores vinculados, principalmente, a las actividades agropecuarias que, junto al pastoreo continuo y altas cargas, promovieron la reducción de especies nativas con alto valor forrajero, como *Piptochaetium napostaense*. Para niveles de degradación severos, el mejoramiento del pastizal, en la actualidad, requiere la siembra de semillas que ya no se encuentran en el suelo. Para ello, es necesario buscar materiales genéticamente diversos a fin de evaluar la variabilidad y posterior selección de acuerdo con su desempeño. El objetivo fue caracterizar cuatro poblaciones de *P. napostaense* colectadas en sitios del SOB y LP: Médanos (Me), Montes de Oca (MO), Patagones (P) y La Adela (LA). Se analizaron: peso de mil semillas (P1000), viabilidad (tinción de semillas no germinadas con TTC) y % de germinación (PG) de semillas sin tratar (control) y tratadas con calor (10 minutos a 90°C). Los resultados se analizaron con ANOVA y test de Tukey. El análisis mostró diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) tanto entre poblaciones como entre tratamientos dentro de cada población, en todas las variables. Los rangos de PG y viabilidad en el control fueron elevados; siendo 69,33-97 % y 76-100 %, respectivamente. El calor redujo el PG y la viabilidad en todas las poblaciones, excepto en LA que mostró valores similares. En el control, MO mostró el mayor P1000 y PG. Los resultados encontrados permiten avanzar en la caracterización fenotípica de estas poblaciones con fines de restauración basada en semillas.



**GV**

**GENÉTICA  
VEGETAL**

**PLANT  
GENETICS**





## GV 1

## DESCRIPCIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA RESPUESTA HÍDRICA EN *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* (LEGUMINOSAE)

Alba S.S.<sup>1</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>, M.A. Maciel<sup>2</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM); <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas, UNaM-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Misiones, Argentina. sofialba961@gmail.com

La heterogeneidad de los ambientes en los que habitan las poblaciones naturales expone a los individuos a presiones selectivas que pueden resultar en adaptaciones a las condiciones ambientales locales. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil* es una especie forestal que presenta una distribución disyunta en Argentina, habitando en las Provincias Fitogeográficas Paranaense y Yungas, las cuales presentan diferencias en las condiciones pluviales. En este trabajo se describen regiones genómicas de los genes candidatos asociados a la respuesta hídrica *ERD 15*, *sHSP* y *PHD finger* en individuos provenientes de ambas Provincias Fitogeográficas. Se realizaron análisis bioinformáticos para inferir la estructura de dichos genes empleando los registros de bases de datos públicas y las secuencias transcriptómicas de *A. colubrina* var. *cebil*. Se diseñaron seis pares de cebadores específicos partiendo del transcriptoma y se obtuvieron las respectivas secuencias. En individuos provenientes de ambas Provincias Fitogeográficas se caracterizaron dos exones uno de ellos presentando dos SNPs y un intrón con un SNP para el gen *ERD 15*, un exón con dos SNP para *sHSP* y dos intrones con seis SNPs para *PHD finger*. Las secuencias obtenidas mostraron identidades superiores al 78% con respecto a otras especies de leguminosas y los cebadores desarrollados serán empleados en estudios genéticos-poblacionales en la especie.

## GV 2

## DISEÑO DE CEBADORES PARA POLIMORFISMOS DE BASE ÚNICA EN DOS LÍNEAS PARENTALES DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*)

Goytia Bertero V.<sup>1,2</sup>, P. Cacchiarelli<sup>3</sup>, G.R. Pratta<sup>3</sup>, D.P. Arce<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC), Buenos Aires; <sup>2</sup>Facultad Regional San Nicolás, Universidad Tecnológica Nacional (FRSN), Buenos Aires; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe. Argentina. valengoytia19@gmail.com

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) es una hortaliza de gran importancia agrícola. Su limitada variabilidad genética ha impulsado el uso de especies silvestres en programas de mejoramiento para ampliar la diversidad. En experimentos previos, se obtuvo el genoma y transcriptoma de los progenitores cv. Caimanta (C) y LA0722 (P). Como aporte original, se analizaron nueve chaperonas inducidas durante la maduración del fruto en ambos genotipos (C y P) identificadas mediante GC-MS y con niveles de expresión asignados a partir de un experimento previo de RNA-seq. Se buscaron las coordenadas de estos genes para visualizar posibles polimorfismos de base única (SNPs) usando el programa *Integrative Genomics Viewer* (IGV), alineando los genomas de C y P con la versión 2.5 de *Solanum lycopersicum* cv. Heinz 1706. Se seleccionaron SNPs con suficiente profundidad de cobertura, estableciendo un mínimo de diecinueve para el genotipo con la misma base que la secuencia de referencia y diecisiete para aquél con la secuencia alternativa. Para cada SNP seleccionado, se diseñaron cebadores flanqueantes usando el software *Primer3*. Posteriormente, se verificaron los cebadores y el amplicón generado mediante BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) para asegurar su unicidad en el genoma de tomate. Así, se logró diseñar cebadores para polimorfismos SNP en los genes SOLYC04G082720 (una HSP20 del cromosoma 4), SOLYC09G011030 (una HSP70 del cromosoma 9) y SOLYC09G075950 (otra HSP70 del cromosoma 9), con la posibilidad de validarlos mediante la técnica de análisis de alta resolución de fusión.

## GV 3

### VALIDACIÓN DE QTLS ASOCIADOS A MORFOLOGÍA DE FRUTO DETECTADOS POR ANÁLISIS DE GRUPOS DISCREPANTES EN UNA POBLACIÓN F<sub>2</sub> DE TOMATE

Godoy F.N.I.<sup>1</sup>, D.V. Vazquez<sup>1</sup>, V. Cambiaso<sup>1</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino. Santa Fe, Argentina. godoy@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum lycopersicum* L.) los genes *SUN*, *OVATE*, *SOV1* y *FS8.1* controlan la forma del fruto en su plano longitudinal. Para dichos genes, los cultivares Río Grande y LYC1907 sólo difieren para *FS8.1*. En una población F<sub>2</sub> derivada del cruzamiento de estos cultivares, la segregación de *FS8.1* afectó la expresión del carácter índice de forma de fruto (IF=altura/diámetro). Al comparar las secuencias de genoma completo de grupos de plantas contrastantes para el IF (metodología *QTL-seq*), se detectaron regiones genómicas asociadas al IF en los cromosomas (cr.) 2, 3, 8 y 9, para las cuales se desarrollaron marcadores moleculares (MM) de tipo inserción/delección. En este trabajo se buscó validar las regiones genómicas asociadas al IF detectadas empleando los MM diseñados. Para ello, la población F<sub>2</sub> de 185 plantas fue caracterizada con tres MM del cr.2, uno del cr.3, tres del cr.8 y uno del cr.9, utilizando un protocolo de amplificación por PCR con posterior electroforesis en gel de agarosa al 3% p/v. Se determinó la asociación fenotípico-molecular por ANOVA a un factor, fijando el efecto de *FS8.1*. Se encontró asociación significativa ( $p < 0,05$ ) entre el IF y los MM en los cr.3 y cr.9, independientes del genotipo de *FS8.1*. Para el cr.2, esta asociación fue significativa sólo cuando *FS8.1* portaba los alelos de LYC1907. En estos cromosomas, los alelos de Río Grande generaron tanto un aumento (cr.3) como una reducción (cr.2 y 9) de la media del IF. En conclusión, se validó que las regiones genómicas detectadas en los cromosomas 2, 3 y 9 por *QTL-seq* controlan la expresión del carácter IF.

## GV 4

### ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD PARA CARACTERES DE PLANTA Y DE CALIDAD DE FRUTO EN POBLACIONES RECÍPROCAS DE TOMATE

Perez Marder H.E.<sup>1</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino. Santa Fe, Argentina. perezmarder@iicar-conicet.gob.ar

Estimar la heredabilidad de los caracteres define la estrategia de mejoramiento. La dirección del cruzamiento puede influir en la determinación de caracteres cuantitativos por la presencia de efectos recíprocos. El objetivo fue evaluar el efecto de la dirección del cruzamiento inicial sobre la estimación de la heredabilidad en poblaciones recíprocas obtenidas entre el cultivar Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión silvestre LA0722 (P) de *S. pimpinellifolium* L. En 15 plantas de cada genotipo uniforme, 75 de cada retrocruza y 150 de cada F<sub>2</sub>, se midieron cinco caracteres de planta, cinco de fruto al estado pintón y cinco en rojo maduro. Se verificó la normalidad de los datos y los cálculos de heredabilidad en sentido amplio (H<sup>2</sup>) y estricto (h<sup>2</sup>) se realizaron con los componentes de variancia de las seis generaciones básicas agrupadas según la dirección del cruzamiento inicial. Las heredabilidades se clasificaron en altas (> 0,50), medias (entre 0,50 y 0,25) y bajas (< 0,25). Ambos cruzamientos presentaron H<sup>2</sup> altas para al menos el 80% de los caracteres y h<sup>2</sup> altas en el 67% de los caracteres para CxP y en el 87% para PxC. Para los caracteres de planta, hubo diferencias en la clasificación del 80% de las variables al estimar la H<sup>2</sup> y h<sup>2</sup>. El diámetro medio del tallo no mostró diferencias para H<sup>2</sup>, mientras que para h<sup>2</sup> no lo hizo diámetro apical. Para los caracteres de fruto, solo hubo diferencias en número de lóculos tanto en H<sup>2</sup> como en h<sup>2</sup>. La estimación de la heredabilidad es más afectada por la dirección del cruzamiento en caracteres de planta que en los de fruto.

## GV 5

## DETECCIÓN Y VALIDACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS DE ORIGEN SILVESTRE QUE AUMENTAN LA VIDA POSCOSECHA DEL FRUTO EN TOMATE

Brulé F.F.S.<sup>1,2</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR – CONICET – UNR), <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino, Santa Fe, Argentina. brule@iicar-conicet.gob.ar

En una población  $F_2$  derivada del cruzamiento entre líneas casi isogénicas (NILs) con larga vida poscosecha (VP) y que portan introgresiones de la accesión silvestre LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* L. en el contexto genético del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* L. se buscó identificar y validar regiones genómicas asociadas a VP. Se evaluaron 85 plantas  $F_2$  del cruzamiento entre NIL034 y NIL069, 10 plantas de cada progenitor y su  $F_1$ . En seis frutos por planta (N=690) se evaluó la VP. Los valores medios entre progenitores se compararon con Wilcoxon y la heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) se estimó por ANOVA. Se compararon las secuencias de genoma completo de grupos de plantas  $F_2$  contrastantes para VP y detectaron *QTLs* con la metodología *QTL-seq*. Los *QTLs* detectados se validaron analizando la asociación entre VP y marcadores de tipo InDel para lo que se usó ANOVA a un criterio de clasificación seguido por el test de Duncan. Hubo diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) entre progenitores, excepto entre NIL034 y  $F_1$ . La  $H^2$  fue de 0,76. Se detectaron *QTLs* ( $p < 0,01$ ) en los cromosomas 1, 2, 3, 4, 5, 9, 10 y 11. Para los cromosomas 1, 4, 5 y 9 en los que se cuenta con marcadores InDel, solo los del cromosoma 4 (IND4-0954, IND4-3519 e IND4-4286) resultaron asociados a VP ( $p < 0,01$ ) permitiendo validar los *QTLs* detectados por la metodología *QTLseq*. Las plantas  $F_2$  que portan el alelo silvestre en esta región presentaron en promedio un incremento del 67% en la VP de los frutos. Se concluye que segmentos cromosómicos de origen silvestre introgresados en el cromosoma 4, aumentan la VP del fruto.

## GV 6

## IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN NUEVO GEN DE RESISTENCIA AL CANCRO DEL TALLO DE LA SOJA (*Diaporthe caulivora*)

Maldonado R.<sup>1</sup>, F. Cabrera<sup>1</sup>, J.S. Bianchi<sup>1</sup>, C.M. Rocha<sup>2</sup>, R. Pioli<sup>1,3</sup>, M.A. Chiesa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Santa Fe; <sup>2</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe. Argentina. rodri.maldonado96@gmail.com

El estrés biótico es una de las principales causas de disminución del rendimiento y calidad de semillas del cultivo de la soja [*Glycine max* (L.) Merr]. La estrategia más efectiva y sustentable de control es el uso de genotipos con resistencia genética a diferentes patógenos. *Diaporthe caulivora* (Dc), uno de los agentes causales del cancro del tallo de la soja (CTS-Dc), es un patógeno presente en la región sojera de Argentina, con impacto fitosanitario a nivel mundial. Hasta el momento solo fue reportado el gen *Rdc1* de resistencia a Dc en el genotipo G13. A partir de un análisis de genotipos de soja conducido en el LEFIVE se observó que H32 tiene un comportamiento similar a G13 frente a Dc. Así, la hipótesis planteada es que H32 portaría un nuevo *locus* de resistencia. Para probar esta hipótesis y determinar su segregación se realizaron cruzamientos dirigidos: Williams82 (W0; *rdc/rdc*) x H32 (*Rdc-/Rdc-*) y H32 x G13 (*Rdc1/Rdc1*). Las  $F_1$  efectivas fueron autofecundadas para obtener distintas poblaciones segregantes ( $n > 180$ ). La segregación fenotípica de los individuos  $F_2$  provenientes de W0 x H32, luego de la inoculación con Dpc16 y la evaluación del desarrollo del CTS, ajustó a la esperada para un carácter de herencia monogénica con dominancia completa (3R:1S). Además, la segregación observada en individuos  $F_2$  provenientes de H32 x G13 ajustó a la esperada para dos *loci* con epistasis doble dominante (15R:1S) a 28 días post inoculación (dpi); y a 42 dpi ajustó a la segregación 13R:3S ( $p > 0,05$ ). Ambas segregaciones validan la presencia de un nuevo gen de resistencia, *Rdc2*, en H32

## GV 7

### GEN CANDIDATO DE RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO VIRUS EN *Zea mays* L.

Kreff, E.<sup>1</sup>, M. Ruiz<sup>2</sup>, N.C. Bonamico<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Semilla Nueva, Pergamino, Buenos Aires <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina. enriquekreff@semillanueva.org

En Argentina el Mal de Río Cuarto, causado por el *Mal de Río Cuarto Virus* (MRCV), es la enfermedad viral más importante del cultivo de maíz (*Zea mays* L.). El objetivo de este estudio fue dilucidar un mecanismo de resistencia contra el MRCV, con foco en el gen *ZmGLK36*. Mediante diferentes herramientas bioinformáticas (Maize GDB, BLAST, entre otras) se realizó un análisis comparativo para evaluar la homología entre *ZmGLK36*, gen de resistencia al virus del enanismo negro rayado (RBSDV) del arroz, y *PCO644442*, gen candidato de resistencia a *Mal de Río Cuarto Virus* (MRCV) del maíz. Los resultados obtenidos indican que existe homología entre ambos genes involucrados en la resistencia a *Fijivirus* de cereales. La homología identificada entre el gen *ZmGLK36* y el gen *PCO644442* dilucida la existencia de un mecanismo de resistencia contra el MRCV. Esto aporta información valiosa para eficientizar estrategias enfocadas en incrementar la resistencia genética a ambos *Fijivirus* en germoplasma de los programas de mejoramiento genético, híbridos y líneas endocriadas de maíz.

## GV 8

### IDENTIFICACIÓN DE SSR ASOCIADOS CON LA RESISTENCIA DURABLE A ROYA DE LA HOJA EN *Triticum aestivum* L. (VAR. BUCK PONCHO)

Vrdoljak J.<sup>1</sup>, S.O. Obregon<sup>1</sup>, C.P. Randazzo<sup>1</sup>, J.C. Salerno<sup>2</sup>, M.J. Dieguez<sup>3</sup>, M.F. Pergolesi<sup>3</sup>, L.R. Ingala<sup>3</sup>, F. Sacco<sup>3</sup>, A.R. Cuyeu<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales Universidad de Morón (UM), Buenos Aires; <sup>2</sup>Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), UM; <sup>3</sup>Instituto de Genética (IGEAF), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires. cuyeu.alba@inta.gov.ar

*Triticum aestivum* L. (AABBDD, 2n=6x=42) es una especie de importancia mundial para la alimentación humana. En Argentina, la zona triguera se extiende desde el norte (Chaco y NOA) hasta el sur de la provincia de Buenos Aires. Una de las enfermedades de relevancia es la roya provocada por el hongo *Puccinia triticina*, la cual afecta su rendimiento y calidad causando significativas pérdidas económicas. Si bien existen variedades de trigo resistentes como Buck Poncho, las bases genéticas de este tipo de resistencia han sido poco estudiadas. El objetivo de este estudio fue identificar QTLs y diseñar marcadores microsatélites (SSR) asociados a la resistencia de la roya de la hoja. Se utilizó un mapa de ligamiento con 9546 marcadores DArTs, obtenido de una población de líneas recombinantes homocigotas resistentes (Buck Poncho x Purplestraw). Se identificaron cuatro QTLs responsables de la resistencia duradera en los cromosomas 1B (255.53 cM), 2B (253.82 cM), 3A (74 cM) y 4D (18 cM). Se inició el estudio con el diseño de 168 SSR en el QTL 3A; posteriormente, se continuará con el análisis de los QTLs restantes. La implementación de los SSR obtenidos es clave para mejorar la resistencia del trigo a la roya, ofreciendo una herramienta molecular para apoyar el mejoramiento genético.

## GV 9

## MUTANTES DEL REPRESOR DE LA RESPUESTA A AUXINA IAA16 MUESTRAN DEFECTOS EN EL DESARROLLO GAMETOFÍTICO Y EMBRIONARIO DE *Arabidopsis thaliana*

Vega M.S.<sup>1</sup>, O. Leblanc<sup>2</sup>, C. Michaud<sup>2</sup>, S.C. Pessino<sup>1</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>, L.A. Siena<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup> DIADE, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Montpellier, Francia. mvega@iicar-conicet.gob.ar

Las auxinas juegan un papel esencial en muchos aspectos del desarrollo de las plantas, incluyendo el crecimiento y la reproducción. Recientemente, en *Paspalum notatum*, hemos encontrado que el nivel de expresión del gen represor de la respuesta a auxina *IAA30* presenta una correlación negativa con la expresividad de la aposporía (un componente de la apomixis gametofítica). Para analizar la función biológica de *IAA30* en el desarrollo reproductivo comenzamos la caracterización de su ortólogo *IAA16* en *Arabidopsis thaliana*. Los experimentos de RT-PCR mostraron que *IAA16* se expresa en silicuas, hojas, plántulas y raíces. Los análisis citoembriológicos de dos líneas mutantes (*iaa16*) mostraron la formación de células alargadas alrededor de la célula madre de la megáspora, la megáspora funcional y el saco embrionario. Luego de la polinización, ambas líneas mostraron defectos en los patrones de desarrollo embrionario y la aparición de embriones gemelos. El análisis de plantas F<sub>2</sub> derivadas de la cruce entre *iaa16* y pWOX2-CENH3-GFP, confirmó los patrones de asimetría detectados en los embriones. Más aún, se detectaron plántulas *iaa16* con un solo cotiledón y brotes dobles (posible poliembrionía). Observaciones de embriones *iaa16* portadores del reportero pDRN:GFP (respuesta a auxina) sugieren una distribución alterada de la señal de auxina. Los resultados de este trabajo indican que *IAA16* participa en la especificación del destino de la línea germinal femenina y la embriogénesis en *Arabidopsis*.



# MCTA

**MUTAGÉNESIS,  
CARCINOGENÉESIS  
Y TERATOGENÉESIS  
AMBIENTAL**

MUTAGENESIS,  
CARCINOGENESIS  
AND ENVIRONMENTAL  
TERATOGENESIS





**MCTA 1****SUPLEMENTACIÓN CON MICRONUTRIENTES MINERALES: SU IMPACTO EN LA PEROXIDACIÓN LIPÍDICA EN CULTIVOS DE SANGRE BOVINA**

Gribaudo V.<sup>1</sup>, T. Manso<sup>1</sup>, C. Pardiñas<sup>1</sup>, G Padula<sup>1,2</sup>, A. Seoane<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria, IGEVET-CONICET-UNLP;

<sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Buenos Aires, Argentina.

aseoane@fcv.unlp.edu.ar

Existen enfoques nutricionales dirigidos a optimizar la salud del ganado y los rasgos productivos, un ejemplo es la suplementación con minerales por su papel en la salud. El objetivo del trabajo es valorar los posibles efectos sobre la peroxidación lipídica causada por la suplementación con combinaciones de minerales (CM) conteniendo edetato de cobre (1 %) y de zinc (6 %), ioduro de potasio (1 %) y selenito de sodio (0,5 %) en concentraciones comerciales. El ensayo se llevó a cabo en sangre periférica bovina cultivada *in vitro*. Los cultivos se realizaron por 48 h a 37 °C con medio Ham F12, suero bovino fetal y antibióticos, tratados las últimas 24 h (concentración de cada mineral en µg/ml): 1. control negativo (CN), 2. CM1 (0,05 Cu; 0,3 Zn; 0,05 I; 0,025 Se); 3. CM2 (0,2 Cu; 1,2 Zn; 0,2 I; 0,1 Se); 4. CM3 (0,8 Cu; 4,8 Zn; 0,8 I; 0,4 Se). La peroxidación lipídica se evaluó con el ensayo de TBARS. Se hicieron tres repeticiones y se establecieron los promedios y desvíos estándar. Como los valores presentaron una distribución normal (curtosis 0,0869025), se aplicó el ensayo de ANOVA simple y la prueba LSD de Fisher. Se observó que la suplementación con diferentes combinaciones de micronutrientes minerales resultó inocua para los cultivos. Todos los tratamientos presentaron valores dentro del rango normal, sin diferencias significativas respecto del CN. La menor peroxidación se halló en CM3. Dado que una mayor concentración a la utilizada para suplementar a los animales *in vivo* presenta una menor peroxidación se propone investigar sus efectos sobre el daño genético.



**MV**

**MEJORAMIENTO  
VEGETAL**

**PLANT  
BREEDING**



## MV 1

## HEREDABILIDAD MULTIVARIADA PARA CALIDAD DE FRUTO EN GENERACIONES SUCESIVAS DE AUTOFECONDACIÓN EN TOMATE

Del Medico A.P.<sup>1</sup>, M.S. Vitelleschi<sup>2</sup>, A. Lavalle<sup>3</sup>, G. Pratta<sup>4</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas en Estadística (IITAE), Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, UNR, Santa Fe; <sup>3</sup>Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional del Comahue (UNCo), Neuquén; <sup>4</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe. Argentina. gpratta@unr.edu.ar

Como propuesta original, este grupo de trabajo informó el uso de la técnica a tres vías Análisis Factorial Múltiple (AFM) para estimar la heredabilidad multivariada (HM) de la calidad de fruto de tomate. En este trabajo, el objetivo fue validar la propuesta, considerando desde la generación F2 a la generación F5 de un híbrido de segundo ciclo de tomate. Se evaluaron 12 caracteres de frutos en 14 genotipos diferentes (plantas individuales F2 y sus familias obtenidas por autofecundación en F3, F4 y F5, N total: 672). Respecto a la vía generaciones, las correlaciones vectoriales (RV) más altas fueron, como era esperado, entre F2/F3 (0,55), F3/F4 (0,44) y F4/F5 (0,49). RV fue propuesto como estimador de la HM. Al corregir los valores por los correspondientes coeficientes debido al nivel de homocigosis, las HM respectivas fueron de 0,36, 0,42 y 0,41, en concordancia con el aumento del componente de variancia genética aditiva que causa la endogamia. En relación con la vía individuos, los 14 genotipos mostraron valores consenso (VC) con variaciones a lo largo de las generaciones. Estos VC fueron propuestos como los valores de mejora de cada genotipo, por lo que la variación en ellos acuerda con los cambios en la HM. Finalmente, con relación a la vía caracteres, forma, peso, diámetro y altura del fruto, de alta heredabilidad en sentido estricto, mostraron las mayores contribuciones para la construcción del plano principal, que explicó un 37,48% de la variabilidad total. El AFM resultó ser una técnica a tres vías adecuada para estimar la HM de la calidad de fruto de tomate.

## MV 2

## BIOACTIVE PEPTIDES FROM *Trichoderma*'S SECRETOME: A PROMISING ANTIFUNGAL SOLUTION AGAINST *Fusarium* spp.

Da Silva Pereira L<sup>1</sup>, A. Salomón<sup>1</sup>, V.A. Campos Bermudez<sup>1</sup>, S. Pablo Rius<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI-CONICET), Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. lidasipe@outlook.com

*Trichoderma* is used in agriculture for its beneficial properties, which promote growth and biological control and induce plant resistance. The objective of this work was to identify and characterize the peptides present in the *Trichoderma*'s secretome capable of inhibiting phytopathogens from the genus *Fusarium*. Initially, a liquid culture with *Trichoderma*'s (Pista 9 strain) proteins was prepared by adding 100 µL of 10<sup>7</sup> conidia/mL in flasks with 100 mL of medium. The culture was incubated at 28 °C for 7 days at 180 rpm. The solution was then filtered and ammonium sulfate 0–85% saturation was added. The extraction process was accompanied by electrophoresis. The ability of the extract to inhibit *Fusarium* spp. was tested, investigating the *in vitro* antagonistic effects of Pista 9 against *Fusarium* spp. The effect of Pista 9 total extract on the growth of *F. oxysporum* was evaluated by incubating the pathogen with 300 µg/mL of the extract. The electrophoresis showed that the extract obtained from Pista 9 presented most protein bands with low molecular mass ranging from 10 - 75 kDa. The *in vitro* antagonism demonstrated that Pista 9 could inhibit the growth of *F. oxysporum*, *F. graminearum*, and *F. verticillioides*; the extract inhibited 74 % growth of *F. oxysporum*, and hyper-branching was observed. The study provides information on the diversity of antimicrobial proteins/peptides present in the *Trichoderma*'s secretome. With these results, we hope to contribute to the use of peptides from *Trichoderma* as potential molecules in microbial control.

### MV 3

## SELECCIÓN DE LÍNEAS DE MAÍZ MEDIANTE EL ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

Almorza D.<sup>1</sup>, A. Prada<sup>1</sup>, R. Cuyeu<sup>1</sup>, J.C. Salerno<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad del Salvador (USAL); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón (UM); <sup>3</sup>Instituto de Genética, INTA Hurlingham. Buenos Aires, Argentina. salernojc@hotmail.com

El análisis de componentes principales incrementa el proceso de selección de caracteres importantes según el objetivo de la selección que se busca mejorar. De esta manera, se puede diferenciar significativamente el comportamiento de los genotipos midiendo las variables disponibles de los fenotipos a considerar en el material de estudio considerado. En el trabajo utilizamos materiales estables contrastantes para poder diferenciarlos en el análisis de los componentes principales (infostat). Se realizaron pruebas para evaluar líneas endocriadas de maíz, mediante un diseño completamente al azar con tres repeticiones, considerando las variables señaladas como responsables del rendimiento. Los resultados mostraron correlaciones significativas entre las variables y además permitieron separar los diferentes grupos de líneas con valores altos y bajos para los caracteres estudiados, facilitando el proceso de selección y acortando el tiempo de obtención de líneas élites para obtener el producto final. Además, se pudo confirmar que algunas variables que se utilizan comúnmente para predecir el peso de las espigas, como el número de hileras, no tienen relación con este carácter, mientras que otras como el diámetro de las espigas estarían más asociadas al peso de la espiga que a la longitud del mismo.

### MV 4

## COMPARACIÓN DE MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA A RAYADO BACTERIANO DE LA HOJA EN MAÍZ

Ruiz M.<sup>1,2</sup>, E.A. Rossi<sup>1,2</sup>, M.G. Balzarini<sup>3,4</sup>, N.C. Bonamico<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET, UNRC), Río Cuarto; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC); <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba (UNC); <sup>4</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET,INTA). Córdoba, Argentina. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

En maíz, el rayado bacteriano de la hoja (BLS) es una enfermedad emergente. La selección genómica (SG) utiliza la totalidad de los marcadores disponibles para estimar el mérito genético (GEBV) de los individuos a seleccionar; por ejemplo, genotipos resistentes a BLS. La eficiencia de la SG se evalúa mediante la correlación entre fenotipos observados y su GEBV. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos modelos de SG como herramienta para identificar genotipos resistentes a BLS en maíz. La severidad de BLS se evaluó en una población de 200 líneas de maíz, desarrolladas y provistas por CIMMYT, sembradas en ambientes del sur de Córdoba, Argentina. La información genotípica consistió en 46990 SNP distribuidos en los 10 cromosomas de maíz. Para realizar la SG, se probaron los modelos RR-BLUP y BayesB con un esquema de validación cruzada con 100 iteraciones. Dos conjuntos de datos, uno de entrenamiento (80%) y otro de validación (20%), permitieron la estimación de los parámetros del modelo y contrastar los valores predichos y los observados. Los modelos evaluados tienen una eficiencia de predicción adecuada, y con valores semejantes, para identificar genotipos resistentes a BLS. Estos modelos, permitirían eficientizar la identificación de genotipos resistentes a rayado bacteriano de la hoja en los programas de mejoramiento de maíz.

## MV 5

**GENOTIPIFICACIÓN DE GENES R CONTRA EL QUEMADO DE ARROZ EN VARIEDADES Y LÍNEAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.).**

Colazo J.<sup>1</sup>. IEEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos, Argentina. colazo.jose@inta.gob.ar

El arroz es un cereal del cual depende el 50% de la población mundial. Actualmente, una limitante para alcanzar el rendimiento potencial de un ideotipo de arroz son los estreses bióticos y abióticos. La principal limitante biótica mundial es la enfermedad denominada “Quemado de arroz”, producida por el hongo *Pyricularia oryzae*. El objetivo de este trabajo es identificar genes de resistencia en líneas y variedades del programa de mejoramiento. Se utilizará un set de diferenciales con los genes R y marcadores altamente ligados. Los genes estudiados incluyen *Pi-5*, *Pi-ks*, *Pi-k*, *Pi-2*, *Pish*, *Pi-ta*, *Pi-km*, *Pi-7*, *Pi-b*, *Pi-ta2*, *Pi-zt*, *Pi-1*, *Pi-kh*, y *Pi-33*. Se genotipificaron 50 líneas experimentales y variedades de arroz ampliamente utilizadas en Argentina. Las variedades que más genes presentaron fueron ZHE 733 y CANDELARIA, ambas con 5 genes R. En segundo lugar, las variedades dobles YERUA y FORTUNA, Pyri 21, CR 1154 14/15 y CR 2259 CRTES 13/14. Las líneas del programa de mejoramiento ECR 22, ECR CL. 27, 54 y 58 14/15 presentaron 3 genes. El gen que se encontró con menor frecuencia en la población de estudio fue *Pi-33*, seguido por *Pi-b*. Los genes de mayor frecuencia fueron *Pi-5*, *Pi-7* y *Pi-1*. Los marcadores RM 224, RM 527, RM 72, RM 208, 40N23, K6441, K6438 y SCAR B10 resultaron confiables, mientras que los marcadores D25527 y TA801 presentaron amplificaciones inespecíficas en algunos de los diferenciales. Genes reportados de amplio espectro como *Pi-k* y *Pi-kh* no se encontraron presentes en la población.

## MV 6

**BIOENSAYO GERMINATIVO PARA LA SELECCIÓN POR RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN ARROZ (*Oryza sativa* L.)**

Durand M.<sup>1</sup>, M.J. Bohl<sup>1</sup>, G. Breccia<sup>2</sup>, G. Nestares<sup>2,3</sup>. IEEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, UNR, CONICET), Santa Fe; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe. Argentina.bohl.melania@inta.gob.ar

Entre las estrategias de control de malezas más efectivas para el cultivo de arroz se encuentra el uso de cultivares con tecnología de resistencia a herbicidas imidazolinonas (IMI). La selección en estadios tempranos es de interés para los programas de mejoramiento. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un bioensayo de selección para diferenciar genotipos susceptibles (S) de los resistentes (R) en el estadio germinativo. El ensayo se condujo en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo por un período de 7 días. Los genotipos Cambá INTA ProArroz (S) y Gurí INTA CL (R) fueron sometidos a diferentes concentraciones de herbicida (mezcla física comercial Imazapic + Imazapir) y la respuesta se evaluó midiendo la longitud del coleoptile. Los datos se analizaron por regresión no lineal utilizando el paquete drc en el entorno R. Las concentraciones de herbicida que reducen el crecimiento del coleoptile en un 50% (GR50) resultaron significativamente diferentes entre los cultivares (0,34  $\mu$ M y 559  $\mu$ M para Cambá y Gurí, respectivamente). La concentración de 3,16  $\mu$ M permitió diferenciar genotipos R y S. Para validar el bioensayo, se evaluaron 11 genotipos, 7 convencionales y 4 resistentes. Los materiales convencionales presentaron una reducción significativa en el crecimiento del coleoptile, con una disminución promedio del 80% en comparación con los materiales resistentes, que mostraron una reducción mínima. Se concluye que se logró optimizar un bioensayo sin suelo para la selección temprana por resistencia a IMI para el cultivo de arroz.

## MV 7

## EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD AMILOLÍTICA EN GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) A BAJAS TEMPERATURAS

Maiale S.J.<sup>1</sup>, B. Wyss<sup>1</sup>, M. Durand<sup>2</sup>, J.L. Colazo<sup>2</sup>, A. Rodríguez<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Chascomús, Buenos Aires; <sup>2</sup>EEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos. Argentina. santiagoomaiale@hotmail.com

El arroz (*Oryza sativa* L.) es un cultivo sensible a las bajas temperaturas, en el que las amilasas son esenciales para la germinación, proporcionando la energía necesaria para el embrión e influyendo en la tolerancia al frío durante esta etapa. El objetivo de este trabajo fue estudiar la relación entre la actividad de las enzimas amilolíticas y la tolerancia a bajas temperaturas en genotipos de uso local y caracterizar materiales índicos y japónicos de un panel de diversidad (PD). Se analizaron 47 genotipos usados como progenitores en el programa de mejoramiento del INTA y un PD con 220 variedades genotipificadas. Las semillas se sembraron en cámara de crecimiento a 15 °C y el tiempo óptimo de medición se estableció en 5 días desde la siembra. En los genotipos locales se midió la actividad de la alfa y beta amilasa, actividad diastásica total (DT) y azúcares acumulados y sólo los dos últimos parámetros en el PD. Se midió por otro lado el largo del coleóptilo a 14 días (LongCol14) como índice de tolerancia. El análisis de correlación mostró asociación entre LongCol14 y todos los parámetros con excepción de la alfa amilasa, con un r de Pearson de 0,5042 y 0,5786 para azúcares acumulados y DT respectivamente. En el PD se observaron diferencias significativas entre japónicas e índicas para azúcares acumulados, pero no para DT. En conclusión, los azúcares acumulados y DT mostraron correlación con tolerancia a bajas temperaturas. Por otro lado, el parámetro azúcares acumulados podría usarse en el desarrollo de marcadores moleculares mediante el uso de GWAS.

## MV 8

## ESTABILIDAD DEL RENDIMIENTO EN TRIGO PAN ¿ES EQUIVALENTE EVALUAR EN MÁS AÑOS QUE EN MÁS SITIOS?

Mójica C.J.<sup>1,2</sup>, P.E. Abbate<sup>3</sup>, E.A. Rossi<sup>1,2</sup>, N.C. Bonamico<sup>1,2</sup>, M.G. Balzarini<sup>4,5</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba; <sup>3</sup>EEA Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires; <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba; <sup>5</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA-INTA), Córdoba. Argentina. jmojica@ayv.unrc.edu.ar

El Instituto Nacional de Semillas (INASE) de Argentina solicita para la inscripción de cultivares de especies de fiscalización obligatoria datos de al menos dos años de ensayos en tres sitios, o de tres años en un solo sitio. El objetivo del trabajo fue evaluar la concordancia de la estabilidad del rendimiento de cultivares de trigo pan de acuerdo a los dos criterios admitidos por el INASE. El rendimiento de 10 cultivares de trigo pan de ciclo largo se evaluó en cuatro sitios de la Red de Ensayos de Trigo entre los ciclos agrícolas 2017 y 2020. Los sitios fueron Balcarce, Barrow, La Dulce y Miramar. En dos conjuntos de datos se estimaron los indicadores rendimiento medio, varianza de estabilidad de Shukla y regresión lineal de Eberhardt y Russell. Los conjuntos se conformaron combinando datos de dos años de evaluación en tres de los sitios mencionados y datos de tres años en cada sitio. Para cada indicador se evaluó la concordancia de los resultados entre ambos conjuntos de datos. El rendimiento medio de los cultivares de trigo pan mostró alta concordancia entre ambos criterios (85%). La clasificación de los cultivares como estables varió según el criterio utilizado (38 y 63 % de concordancia para varianza y regresión, respectivamente). La elección del criterio de evaluación puede afectar la selección de cultivares para su inscripción. Este estudio muestra la necesidad de profundizar la investigación de los criterios de evaluación que garanticen la selección de cultivares de trigo pan con un rendimiento estable y adaptado a las condiciones agroecológicas de cada región.



## MV 9

## SELECCIÓN TEMPRANA PARA RESISTENCIA A IMAZETAPIR EN TRIGO POR GERMINACIÓN EN PLACAS 3-D

Breccia G.<sup>1</sup>, M. Morata<sup>2</sup>, F. Reartes<sup>3</sup>, A. Reartes<sup>4</sup>, A. Romagnoli<sup>2</sup>, C. Ghione<sup>4</sup>, G.M. Nestares<sup>1,2</sup>, L. Lombardo<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR, UNR, CONICET), Santa Fe; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Santa Fe; <sup>3</sup>Profesional independiente; <sup>4</sup>EEA Marcos Juárez, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Córdoba, Argentina. gracielanestares@gmail.com

La resistencia a imidazolinonas (IMI-R) es un carácter de interés en los programas actuales de mejoramiento de trigo. Contar con una metodología de fenotipado sencilla que permita la correcta identificación de genotipos resistentes sería útil para asistir a la selección. El objetivo de este trabajo fue evaluar tres genotipos de trigo con IMI-R diferencial a fin de optimizar un protocolo de selección de plantas, en etapas tempranas del desarrollo. Se utilizó un prototipo de placas de germinación 3D con distintas concentraciones de imazetapir (0 a 1000 uM). Los cultivares Nogal (S), MS INTA 622 CL (IMI-R1), y Buck 55 CL (IMI-R2), portadores de 0, 1 y 2 genes de resistencia respectivamente, se incubaron en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo durante siete días en un DCA con tres repeticiones (UE=10 plántulas). Se evaluó: longitud de raíz (LR), longitud aérea (LA) y área verde (AV). Los datos fueron analizados por regresión no lineal. Se obtuvieron respuestas específicas para cada cultivar para las tres variables evaluadas. Los factores de resistencia, calculados como la relación de concentración de herbicida que redujo la variable de respuesta en un 50% (GR50) para los genotipos resistentes y susceptibles, fueron >62 para IMI-R1 y >177 para IMI-R2. A su vez, los valores GR50 de IMI-R2 duplicaron a los IMI-R1. La concentración de imazetapir de 316 uM permitió la discriminación visual de los genotipos IMI-R1 e IMI-R2. Se concluye que es posible la identificación temprana de individuos con diferente número de genes de resistencia a IMI bajo las condiciones del prototipo 3-D.

## MV 10

## IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS DE TRITÍCEAS TOLERANTES A CONDICIONES HALOMÓRFICAS DEL SUR DE LA PROVINCIA DE CÓRDOBA, ARGENTINA, DURANTE LA GERMINACIÓN

Ruiz M.<sup>1,2</sup>, L.E. Aguirre<sup>1,2</sup>, E.M. Grassi<sup>1,2</sup>, H.E. Di Santo<sup>1,2</sup>, E.A. Rossi<sup>1,2</sup>, N.C. Bonamico<sup>1,2</sup>, J.F. Gorjón<sup>1</sup>, M.L. Mattalia<sup>1</sup>, M.E. Rovere<sup>1,2</sup>, M.F. Grossi Vanacore<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC); <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC). Córdoba, Argentina. mgrossi@exa.unrc.edu.ar

El sur de Córdoba posee 3,8 millones de hectáreas con suelos halomórficos. Con la finalidad de aumentar la productividad de los sistemas ganaderos se plantea evaluar la tolerancia a la salinidad durante la germinación de líneas estabilizadas de tritíceas. En el Criadero UNINARC de la UN de Río Cuarto se lleva a cabo un programa de mejoramiento de triticale y tricepiro, híbridos intergenéricos que combinan la calidad del trigo con la rusticidad del centeno y agropiro. La tolerancia a salinidad durante germinación se evaluó en 94 líneas F9 y tres testigos comerciales, en cámara de germinación bajo condiciones salinas de 0, 8 y 16 dS.m<sup>-1</sup>. Se midió el porcentaje de germinación a ocho días y el largo de la primera hoja a 14 días desde la siembra. Se aplicó un modelo lineal mixto para obtener el mejor predictor lineal insesgado del efecto de cada línea para ambos caracteres. Para la selección de las líneas tolerantes a salinidad, se eligieron aquellas que presentaron un poder germinativo superior al 45% y un largo de hoja superior a 9,5 cm. Seis líneas avanzadas presentaron valores por encima de los umbrales establecidos; mientras que los testigos presentaron valores inferiores. Las líneas de tritíceas identificadas en el presente trabajo son promisorias para continuar con estudios a campo en condiciones halomórficas del sur de la provincia de Córdoba, Argentina, con el fin de aumentar la productividad en sistemas ganaderos.

## MV 11

### CARACTERIZACIÓN DE CULTIVARES DE CAÑA DE AZÚCAR CON MARCADORES DE RESISTENCIA A ROYA MARRÓN Y SSR

Cedolini S.G.<sup>1</sup>, M.I. Pocovi<sup>1</sup>, G. Caruso<sup>1</sup>, A. Saavedra Pons<sup>2</sup>, F. Yañez<sup>2</sup>, G. Serino<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa); <sup>2</sup>Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Colonia Santa Rosa, Salta, Argentina. sergiogastoncedolini@gmail.com

El conocimiento de la variabilidad genética es fundamental para la gestión de bancos de germoplasma y el desarrollo de variedades. El uso de marcadores asociados a resistencias y de SSR permite detectar materiales resistentes a enfermedades, identificar variedades y evaluar la diversidad genética, incrementando la eficacia de los programas de mejoramiento. La selección orientada a diferentes aspectos, durante la obtención de variedades, puede afectar diversas regiones genómicas. Los SSR, populares para describir la variación genética neutral, facilitan la detección de estructura genética en las colecciones de trabajo, conocimiento fundamental para orientar la elección de progenitores que provean mayor variabilidad en la descendencia. Se evaluaron 22 cultivares de caña de azúcar del Programa de Mejora Genética de la Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa para detectar posibles cultivares resistentes a roya marrón, identificar cultivares y caracterizar la diversidad y estructura genética. Se utilizaron los marcadores R12H16 y 9020F4+RsaI (roya marrón) y los SSR NKS 22, 28, 38, 23 y 50. Se evaluó la diversidad y estructura mediante métodos multivariados: UPGMA, ACoP y Análisis Bayesiano. Ambos marcadores para resistencia fueron positivos para nueve cultivares. Informados como marcadores completamente ligados, una recombinación entre R12H16-PCR y 9020-F4+RsaI fue detectada en dos cultivares. La combinación de cuatro SSR es suficiente para identificar estas variedades. Ambos tipos de marcadores proveen información complementaria para la caracterización de estos materiales.

## MV 12

### CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA EXPERIMENTAL DE CANNABIS MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES ORIENTADOS AL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CANNABIS MEDICINAL

González Muñoz J.C.<sup>1,2</sup>, J.M. Zabala<sup>1,2</sup>, P.A. Tomas<sup>2</sup>, M. Simonutti<sup>1,2</sup>, M.G. Derita<sup>1,3</sup>, G. Bigatti<sup>4</sup>, M. Lozada<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ciencias Agropecuarias del Litoral-ICiAgro-Litoral CONICET-Universidad Nacional del Litoral (UNL), Santa Fe; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Santa Fe; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe; <sup>4</sup>Programa Interdisciplinario de Cannabis, CCT-CONICET CENPAT, Puerto Madryn, Chubut, Argentina. josecamilo.gonzalez@utp.edu.co

El objetivo de la presente investigación fue analizar la variabilidad genética en materiales experimentales y comerciales de *Cannabis sativa* L. para su mejoramiento y posterior aplicación farmacológica. Se analizaron 14 materiales de Cannabis de diferentes quimiotipos, que incluyen ocho poblaciones conservadas en el banco de germoplasma de la FCA-UNL y seis clones inscriptos en el INASE a nombre de CONICET. Se utilizaron seis combinaciones de cebadores SRAPs para analizar la diversidad genética y estructura poblacional mediante PAGE al 4,5 %. Del total de sitios amplificados (89) se observó un 39,81% de loci polimórficos, variando entre 13,45 % y 60,67 % entre materiales. Los resultados indican que en el germoplasma evaluado hay cerca de 1,27 alelos efectivos en promedio y, a su vez, una reducción en la diversidad de los materiales ( $I=0,22$ ). Mediante AMOVA, se pudo confirmar que el mayor porcentaje de varianza molecular se encuentra dentro de cada población con un 72 % mientras que entre poblaciones su nivel de diversidad es altamente significativo con un 28 % ( $p<0,001$ ). Los datos obtenidos por PCoA indican la formación de dos grandes grupos en el germoplasma. El grupo uno contiene los materiales del quimiotipo III y algunas excepciones mientras que el grupo dos relaciona a todos aquellos materiales de los quimiotipos I y II, esto explicado por los tres primeros componentes con un 18,43 %, 13,28 % y 8,30 % respectivamente, resultados coincidentes con lo obtenido mediante UPGMA. La información generada sería relevante para direccionar los próximos cruzamientos del programa de mejoramiento.

## MV 13

OPTIMIZACIÓN DEL CULTIVO IN VITRO DE SOJA (*Glycine max* (L.) MERR.)

Zarantonello Peiretti V.<sup>1</sup>, C. Pascuan<sup>1</sup>, M. Stritzler<sup>1</sup>, C. Soria<sup>1</sup>, G. Soto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "E.A. Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. valenzp96@gmail.com

La soja es uno de los principales cultivos de importancia a nivel global. Como consecuencia de la creciente demanda mundial de alimentos y proteínas, son deseables nuevos cultivares comerciales, con mayor capacidad para soportar el estrés ambiental y con mayor calidad y rendimiento. La transformación de soja se reportó por primera vez en 1988 y desde entonces se ha realizado un gran esfuerzo para mejorar la eficiencia tanto de la regeneración como de la transformación de soja, un gran número de protocolos de transformación genética han sido establecidos durante años. Sin embargo, no se ha logrado, como en otros cultivos, una metodología de transformación eficiente. Por lo expuesto el objetivo general es obtener un sistema eficiente de regeneración y transformación de soja, que pueda ser utilizado de rutina en la edición genética de caracteres de interés agronómico. Para cumplir con este objetivo se realizaron distintos ensayos de cultivo *in vitro* siguiendo el protocolo descrito por Paz y col (2006), con algunas modificaciones. Además, se transformaron embriones de soja con un vector que posee la maquinaria para edición génica y se comprobó el éxito de la transformación por PCR. Se logró obtener con éxito plantas de soja regeneradas a partir de cultivo *in vitro* que mostraron un buen enraizamiento *in vitro*. Por otro lado, se comprobó la correcta transformación de soja a partir de PCR para el gen de la CAS9. Si bien se logró regenerar plantas de soja exitosamente se continúa trabajando en el aumento de la eficiencia.

## MV 14

ANÁLISIS DE SEGREGACIÓN DEL GEN *RDC1* DE RESISTENCIA AL CANCRO DEL TALLO DE SOJA (*Diaporthe caulivora*) EN DOS FONDOS GENÉTICOS

Maldonado R.<sup>1</sup>, L. Schroether<sup>2</sup>, A. Peruzzo<sup>1</sup>, F. Cabrera<sup>2</sup>, G. Pratta<sup>1</sup>, R. Pioli<sup>1</sup>, M.A. Chiesa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (FCA-UNR), Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, CONICET-UNR); <sup>2</sup>FCA-UNR. Santa Fe, Argentina. machiesa@unr.edu.ar

El cancro del tallo (CTS) causado por *Diaporthe caulivora* (Dc) es una enfermedad relevante del cultivo de soja. A partir de la identificación del primer gen *Rdc1* de resistencia (R) a CTS-Dc, el propósito de la investigación fue buscar nuevas fuentes de R y continuar la evaluación de la efectividad y el análisis del tipo de herencia del gen *Rdc1*. Para ello, se realizaron cruzamientos entre el genotipo Ge13, portador de gen *Rdc1* frente a CTS-Dc, con dos genotipos susceptibles, Ge13 x Ge4 (usado como referente experimental) y Ge13 x Williams82 (Wo), a fin de realizar el análisis comparativo de la introgresión del *Rdc1* en dos fondos genéticos susceptibles, mediante un criterio mendeliano clásico. Las F<sub>1</sub> fueron validadas como híbridas y heterocigotas mediante marcadores moleculares codominantes (SSR). La población segregante F<sub>2</sub> (Pob.1, n= 169 plantas) derivada de Ge13 x Ge4 y la respectiva F<sub>2</sub> (Pob.2, n= 183 plantas) de Ge13 x GeWo fueron inoculadas con el aislamiento *Dpc16* (identidad validada morfológica y molecularmente). El progreso de la CTS en ambas poblaciones segregantes se realizó semanalmente y finalizó a los 42 días post inoculación (dpi). La segregación de *Rdc1* en la Pob. 1 mostró 130 Plantas Vivas (PV): 39 P Muertas (PM) y la Pob. 2 mostró 144 PV: 39 PM, a los 28 dpi. Ambas ajustaron a una proporción fenotípica de 3:1 con un valor de p < 0.593 y p < 0,233, respectivamente. Estos resultados de alto impacto para mejoramiento de soja corroboraron la efectividad y el tipo de herencia del *Rdc1* a CTS-Dc en dos fondos genéticos susceptibles diferentes.

## MV 15

## ALGORITMOS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO PARA LA PREDICCIÓN GENÓMICA EN UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE MANÍ

Rossi E.<sup>1,2</sup>, S. Magallanes<sup>2</sup>, A. Falco<sup>2</sup>, M. Cavigliasso<sup>2</sup>, N. Bonamico<sup>1</sup>, M. Balzarini<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET, UNRC), Río Cuarto; <sup>2</sup>DRS - MANIAGRO; <sup>3</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET, INTA). Córdoba, Argentina. [erossi@ayv.unrc.edu.ar](mailto:erossi@ayv.unrc.edu.ar)

La complejidad y alta dimensionalidad de los datos genómicos requieren usar herramientas flexibles y poderosas como los algoritmos de aprendizaje automático. El modelo *Random forest* es un algoritmo supervisado de aprendizaje automático, que produce predicciones competitivas de caracteres continuos, categóricos y binarios. El objetivo de este trabajo fue evaluar la precisión de la predicción de algoritmos de aprendizaje automático para los caracteres incidencia de carbón y madurez en el programa de mejoramiento genético de maní de DRS-MANIAGRO. Una población de 470 familias  $F_{3:4}$  fueron evaluadas por los caracteres incidencia de carbón y madurez durante el ciclo agrícola 2023-2024. La evaluación fenotípica de ambos caracteres en cada familia se realizó mediante la apertura manual y observación visual de 300 frutos. Luego, cada familia se clasificó en tres categorías para cada uno de los caracteres. Se utilizó el algoritmo *random forest* de clasificación. La precisión de la predicción se evaluó mediante un esquema de validación cruzada 75-25%. La matriz de confusión indicó una precisión general de 0,85 (0,78-0,91) para incidencia de carbón y de 0,46 (0,37-0,56) para madurez. Si bien la precisión para madurez fue menor, los valores de especificidad (mayores a 0,7) indicaron que el modelo realizó una buena clasificación negativa de aquellos genotipos que no se ajustaban a los valores de madurez establecidos como umbrales del programa de mejoramiento. El algoritmo de aprendizaje automático es una valiosa herramienta para el programa de mejoramiento de maní de DRS-MANIAGRO.

## MV 16

## ESTIMACIÓN DE CORRELACIÓN GENÉTICA Y GANANCIA POR SELECCIÓN EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE *Panicum coloratum* L. VAR. MAKARIKARIENSE GOOSENS.

Lifschitz M.<sup>1,2</sup>, L. Umbriago<sup>3</sup>, C. Ramirez<sup>3</sup>, N. Garrote<sup>1</sup>, A. Ré<sup>4</sup>, M.A. Tomás<sup>3</sup>. <sup>1</sup>EEA Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Santa Fe; <sup>2</sup>Smart Campo; <sup>3</sup>IdiCaL, INTA-CONICET; <sup>4</sup>EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos. Argentina. [tomas.maria@inta.gob.ar](mailto:tomas.maria@inta.gob.ar)

*Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* es una gramínea subtropical introducida como forrajera en Argentina. El objetivo fue estimar correlaciones y ganancias genéticas directa e indirecta entre caracteres de interés para el mejoramiento genético de la especie. En un DBCA ( $r=3$ ) se evaluaron 50 familias de medios hermanos (FMH), tres plantas/FMH/rep ( $N=450$ ). Se analizaron: altura de planta (alt), ancho de hoja (ah), verdor en hoja (spad), porte (categórico, de 1=achaparrado a 5=erecto), biomasa (bm) al final del verano que incluyó macollos vegetativos y reproductivos, número de panojas ( $n^{\circ}p$ ) y producción de semillas después de la trilla medida en el laboratorio (psem). Se estimaron varianzas, heredabilidades y coheredabilidades de los caracteres, y las ganancias por selección directa e indirecta con intensidad de selección de 20%. Los análisis se realizaron con MetaR. Se observó una correlación positiva y significativa entre el valor de spad y psem ( $r=0,76$ ;  $p=0,0001$ ). Así, la ganancia indirecta estimada en el carácter psem (de difícil medida) fue 16%, similar al que se obtendría si se seleccionara directamente sobre este carácter (16.9%). A su vez, los caracteres bm y ah se correlacionaron negativamente ( $r=-0,33$ ;  $p=0,02$ ), y se estimó que la selección de plantas con hojas angostas permitiría incrementos indirectos en la biomasa (3,69%). Asimismo, mientras que la ganancia por selección directa en bm se estima en 5,11%, la indirecta por spad fue de 5,69%. Los resultados aquí obtenidos brindan información relevante para la generación de variedades comerciales de esta especie.

## MV 17

## GENERACIÓN DE LÍNEAS MARCADORAS DE AUXINAS Y CITOQUININAS EN *Paspalum notatum* FLÜGGÉ APOMÍCTICO Y SEXUAL

Colono C.M.<sup>1</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>, D. Perrone<sup>2</sup>, H. Permingeat<sup>1</sup>, G. Orozco<sup>2</sup>, L. Colombo<sup>2</sup>, M. Kater<sup>2</sup>, A. Iacoponi<sup>1</sup>, A. Gaggiotti Osa<sup>1</sup>, C. Brest<sup>1</sup>, M. Sarría<sup>1</sup>, R.E. Rodríguez<sup>3</sup>, V.L. Barrera<sup>3</sup>, M.A. Mendes<sup>2</sup>, S.C. Pessino<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino, Santa Fe; <sup>2</sup>Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano, Milán, Italia; <sup>3</sup>Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR), CONICET, Rosario, Argentina. colono@iicar-conicet.gov.ar

La apomixis es un tipo de reproducción asexual vía semillas, que da lugar a la formación de descendencia genéticamente idéntica a la planta madre. En trabajos anteriores demostramos que la actividad de las hormonas auxinas y citoquininas está involucrada en distintas etapas del desarrollo apomíctico. El objetivo de este trabajo fue obtener genotipos de *Paspalum notatum* portadores de marcadores fluorescentes de auxinas y citoquininas, con el fin de explorar un posible patrón hormonal diferencial en plantas apomícticas y sexuales. Se indujeron callos indiferenciados a partir de semillas maduras de individuos apomícticos y sexuales y se cotransformaron por biolística con vectores que contenían DR5:VENUS (marcador de auxina) o TCS-GFP (marcador de citoquinina) en combinación con pUbi-BAR (gen selector de tolerancia al glufosinato de amonio). Para cada combinación marcador/genotipo a estudiar se realizaron dos experimentos de ocho placas, con 15 callos en cada una, y los correspondientes controles de selección y regeneración. La microscopía de fluorescencia y/o la amplificación por PCR utilizando cebadores específicos revelaron ocho y cinco eventos de transformación estable para las construcciones de auxina y citoquinina, respectivamente. Se están analizando los perfiles de expresión de los transcritos originados por los marcadores y los patrones de señal fluorescente en raíces y óvulos, utilizando qPCR y microscopía confocal. Este trabajo permitirá revelar la dinámica de la actividad de auxinas y citoquininas durante la reproducción sexual y asexual por semillas de *Paspalum notatum*.

## MV 18

## MEJORAMIENTO MOLECULAR DEL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS INSATURADOS (PUFAS) EN RECURSOS FORRAJEROS NATIVOS DEL GÉNERO *Paspalum*

Marino L.<sup>1</sup>, S. Altabe<sup>2</sup>, C. Colono<sup>1</sup>, M. Podio<sup>1</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>, D. Balaban<sup>1</sup>, J. Stein<sup>1</sup>, N. Spoto<sup>1</sup>, C. Acuña<sup>3</sup>, L. Siena<sup>1</sup>, J. Gerde<sup>1</sup>, E. Kopec Iacomuzzi<sup>1</sup>, Y. Ventos<sup>1</sup>, T.L. Habbaby<sup>1</sup>, M. Esteban<sup>1</sup>, S. Tuells<sup>1</sup>, T.T. Bravo Rolón<sup>1</sup>, J.E. Basualdo<sup>1</sup>, L. Trombolini<sup>1</sup>, E. Albertini<sup>4</sup>, S. Pessino<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina; <sup>4</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, Perugia, Italia. marino@iicar-conicet.gov.ar

El pasto forrajero *Paspalum notatum* Flüggé se reproduce por apomixis, lo que permite implementar programas de mejoramiento rápidos. En *Medicago truncatula*, la anulación de los genes *SUGAR-DEPENDANT 1 (SDP1)* y *PEROXISOMAL ABC TRANSPORTER 1 (PXA1)* resulta en un aumento de la proporción de ácido  $\alpha$ -linolénico (omega-3) en hojas, con potencial para mejorar el perfil nutricional de carnes y leches luego del pastoreo. Hipotetizamos que los genotipos de *P. notatum* con menor expresión natural de estos genes presentan mayor contenido de ácido  $\alpha$ -linolénico y pueden utilizarse para generar híbridos mejorados de reproducción clonal. Se ensamblaron transcriptomas de hoja de *P. notatum*, se identificaron transcritos homólogos a *SDP1* y *PXA1* y se diseñaron cebadores para cuantificar su expresión mediante qRT-PCR. El perfil de ácidos grasos se analizó por cromatografía gaseosa-espectrometría de masas (GC-MS). Se evaluaron siete materiales divergentes. El genotipo 4x sexual Q4188 mostró las expresiones génicas más bajas y un mayor contenido de ácido  $\alpha$ -linolénico. A partir de una cruce Q4188 (madre sexual) x Q4117 (padre apomíctico) se identificaron cuatro híbridos F<sub>1</sub> apomícticos, de los cuales dos (JS9 y JS71) mostraron niveles menores de los transcritos *SDP1* y *PXA1* y mayores de ácido  $\alpha$ -linolénico. El contenido total de lípidos de JS9 resultó 25% mayor al control. Estamos evaluando la capacidad germinativa de híbridos y controles. Este trabajo aporta materiales forrajeros nativos novedosos de reproducción clonal y constituye un ejemplo de mejoramiento rápido usando una tecnología basada en la apomixis.

## MV 19

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE RAIGRÁS ANUAL CRECIENDO BAJO DISTINTOS NIVELES DE HUMEDAD EDÁFICA

Re A.E.<sup>1</sup>, A.D. Pinget<sup>1</sup>, M. Acuña<sup>2</sup>, L. Iannone<sup>3</sup>. <sup>1</sup>EEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos; <sup>2</sup>EAA Pergamino, INTA, Buenos Aires; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Buenos Aires (UBA) - CONICET, Buenos Aires, Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

El raigrás anual es una de las forrajeras más difundida en la región templado-húmeda de la Argentina, siendo una limitante para la expresión de su potencial productivo el nivel de humedad edáfica. Se evaluaron cuatro poblaciones (POB) de la especie (PIP, FEL, RIB y P10), bajo tres niveles de humedad edáfica (CC: capacidad de campo; 100 % CC, 50 % CC y 25 % CC), con el objetivo de detectar germoplasma promisorio para la selección por tolerancia al estrés hídrico. El ensayo se realizó en macetas (8 l), bajo un DBCA ( $r=4$ ) con arreglo factorial de los tratamientos ( $4 \times 3$ ). En cada maceta se trasplantaron ocho individuos de la misma población. Las variables evaluadas fueron: número de macollos (NMAC), altura en cuatro momentos (ALT1 a ALT4), biomasa aérea (PSA1, PSA2, PSA3) y biomasa acumulada. Se corrió un modelo mixto para estimar varianzas y heredabilidades ( $H^2$ ) y se estimaron ganancias por selección y BLUP de los genotipos. No hubo interacción POB\*%CC ( $p>0,05$ ) en ninguna variable, detectándose efecto significativo del nivel de CC y la POB ( $p<0,05$ ). Las  $H^2$  presentaron valores nulos para PSA2 ( $H^2=0$ ), medios para ALT3, PSA3 y PSATOT ( $0,42<H^2<0,58$ ) y elevados para NMAC, ALT1, ALT2, ALT4 y PSA1 ( $0,76<H^2<0,875$ ). Las mayores ganancias estimadas por selección se dieron en los caracteres NMAC (13,0%), ALT4 (11,8%), y PSA1 (8.6%), destacándose los BLUP de FEL en NMAC (+1,7 mac/pl), P10 en ALT4 (+3,9 cm), y FEL y P10 en PSA1 (0,02 y 0,04 g/pl, respectivamente). Las poblaciones FEL y P10 serían promisorias para realizar selección por tolerancia a estrés hídrico.

## MV 20

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE RAIGRÁS ANUAL CRECIENDO BAJO DISTINTOS NIVELES DE SALINIDAD

Da Silva L.<sup>1</sup>, A.E. Re<sup>2</sup>, A.D. Pinget<sup>2</sup>, M. Acuña<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe; <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Concepción del Uruguay, Entre Ríos <sup>3</sup>INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. ludmilasilvarr@gmail.com

El raigrás anual es una de las forrajeras más utilizada como verdeo de invierno, siendo una limitante para su uso los niveles elevados de salinidad. En este trabajo se evaluaron 3 poblaciones (POB: PIP, FEL, RIB) bajo tres niveles de salinidad (SAL: 0 mM, 150 mM y 250 mM) con el objetivo de detectar germoplasma promisorio para la selección por tolerancia al estrés salino. El ensayo se realizó en macetas bajo un diseño en bloques completos aleatorizados ( $r=3$ ) con arreglo factorial de los tratamientos ( $3 \times 3$ ). En cada maceta o unidad experimental (u.e= 54) se trasplantaron 10 individuos de la misma población. Las variables evaluadas fueron: número de macollos (NAMC) y altura (ALT) en ocho momentos, biomasa aérea (PSA1, PSA2) y biomasa de raíz (PSR). Se corrió un modelo mixto para estimar varianzas, heredabilidades ( $H^2$ ), BLUPs, y correlaciones genéticas ( $r_G$ ). No hubo interacción POB\*SAL ( $p>0,05$ ) en ninguna variable, detectándose efecto significativo de SAL y POB ( $p<0,05$ ). Las  $H^2$  presentaron valores elevados ( $H^2>0,7$ ) para ALT en todas las fechas y PSA1, fueron intermedias ( $0,5<H^2<0,7$ ) en NMAC1, NMAC2, NMAC3, y PSR, y bajas en el resto de los caracteres. Se detectaron  $r_G$  significativos entre ALT y NMAC, y entre ALT y PSA, lo que implicaría la posibilidad de realizar selección indirecta por altura y mejorar la producción de biomasa y el número de macollos bajo estos niveles de sal. Se destacó la población FEL en su producción de biomasa aérea y de raíz, siendo promisorio para realizar selección por tolerancia al estrés salino.

## MV 21

## HETEROSIS EN RASGOS MORFOLÓGICOS, PRODUCTIVOS, AGRONÓMICOS Y REPRODUCTIVOS DE *Acroceras macrum* STAPP.

Ferrari Usandizaga S.C.<sup>1</sup>, E.J. Martínez<sup>2</sup>, E.A. Brugnoli<sup>2</sup>, C.A. Acuña<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA Corrientes, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); <sup>2</sup>IBONE-CONICET. Corrientes, Argentina. ferrariusandizaga.s@inta.gob.ar

*Acroceras macrum*, es una gramínea africana valorada como forrajera en suelos con exceso de humedad del NEA. Se estudió la variabilidad, heredabilidad (sentido estricto,  $h^2$ ), heterosis respecto del padre medio (MPH), y correlación entre distancia genética de los padres y HPM, para rasgos morfológicos, agronómicos, fenología y producción de semillas, de cuatro familias de hermanos completos de *A. macrum*. La variabilidad de la progenie, incluso en rasgos para los que los padres no difirieron, refleja su asociación a factores genéticos aditivos. También se observó influencia de factores no genéticos. La HPM fue alta para rasgos relacionados a estructura y porte de la planta, dimensiones de hoja y crecimiento inicial. Los patrones de floración se transmitieron a la progenie en posición, pero en magnitud variable. Éstos se relacionaron al fotoperiodo, sin descartar la influencia de otros factores ambientales. La producción de semillas se relacionó con los picos de floración en posición, no magnitud. Hubo  $h^2$  positiva en todos rasgos, pero variable según la familia estudiada. Esto justifica el mejoramiento de la producción de semillas y otras variables. La distancia genética entre padres podría servir de herramienta de selección para el mejoramiento en la producción de biomasa. Estos resultados son una base para futuros esfuerzos de desarrollar cultivares mejor adaptados para su uso en regiones subtropicales propensas a anegamiento. Además, permiten avanzar hacia satisfacer la demanda de obtención de semillas que faciliten su implantación y comercialización.

## MV 22

## VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE SEMILLAS DE CAMELINA [*Camelina sativa* (L.) CRANTZY]

Spolidori F.A.<sup>1</sup>, L.R. Petigrosso<sup>1</sup>, V. Crovo<sup>1</sup>, G. Eyherabide<sup>1</sup>, D. Girotti<sup>2</sup>, J. Lúquez<sup>1</sup>, M.M. Echeverría<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Buenos Aires; <sup>2</sup>Global Clean Renewable. Argentina. agustinspolidori@gmail.com

Camelina [*Camelina sativa* (L.) Crantzy] es una especie que se emplea de manera incipiente como cultivo de cobertura o servicio. Debido a la importancia que podría cobrar en Argentina por sus características de producto sustentable, y ante el incremento de superficie de suelos salinos, resulta de interés liberar variedades comerciales tolerantes a estreses abióticos, como el salino. En aras de expandir la frontera agrícola, el objetivo planteado en este trabajo fue conocer la tolerancia a las sales de NaCl de cinco variedades experimentales, en variables asociadas a la germinación y emergencia. Se probaron cinco variedades y cinco condiciones salinas: 0 (control), 40, 80, 120 y 200 mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. En cada tanda, se sembraron 40 semillas de cada variedad en rollos de papel humedecidos con agua o solución salina. Las variables determinadas fueron energía y poder germinativo (PG) de las semillas, longitud de radícula (LR) e hipocotilo (LH), peso fresco y seco de plántulas. Todas las variables se redujeron con el incremento de la concentración salina, siendo significativa sólo PG ( $p < 0,05$ ). No hubo diferencias significativas entre 0 y 120 mM para PG. Se detectó interacción entre variedades por tratamiento ( $p < 0,05$ ) para LR y LH, siendo la variedad 1 en 40 mM NaCl la que presentó los menores valores para ambas variables. Estos resultados indican que camelina sería una especie promisorio dado que tolera altas concentraciones de salinidad y que hay variabilidad para dicha tolerancia.







**BAG**

**Journal of Basic  
& Applied Genetics**