



Buenos Aires, 23 de noviembre de 2021

Para la edición 2021 del premio Francisco Sáez, se evaluaron 10 trabajos de investigación realizados por socios de la Sociedad Argentina de Genética y publicados en los volúmenes XXX y XXXI de *Journal of Basic & Applied Genetics*, en el período 2019-2020.

Los trabajos evaluados fueron todos de buena calidad, tanto por su contenido como por su cuidadosa presentación. Vaya por esto una sincera felicitación para el Comité Editorial.

Según el orden de mérito resultante de la votación unánime de los jurados designados para otorgar el "Premio Francisco Sáez", el primer premio es compartido por los siguientes trabajos:

***BAG. Journal of Basic and Applied Genetics XXXI (2): 13-25; 2020***

**SEQUENCE ANALYSIS SUGGESTS POSITIVE SELECTION ON THE BOVINE PRODYNORPHIN GENE**

**ANÁLISIS DE SECUENCIAS GENÓMICAS SUGIEREN QUE EL GEN DE LA PRODINORFINA ESTÁ BAJO SELECCIÓN POSITIVA EN BOVINOS**

Suqueli García M.F., Castellote M.A., Corva P.M.

La hipótesis del trabajo es que el gen *PDYN*, asociado a eficiencia reproductiva en ganado bovino, está sujeto a presión de selección de manera distinta en diferentes razas. Para demostrarlo, los autores analizaron secuencias genómicas de *PDYN* en diez razas bovinas. Los grupos se conformaron considerando la historia de selección y las diferencias productivas entre razas, especialmente en precocidad sexual. Los resultados sugieren que regiones regulatorias de *PDYN* estarían bajo selección positiva, particularmente en razas bovinas lecheras. La discusión fue amplia y exhaustiva y los autores no sólo discutieron las posibles aplicaciones directas del conocimiento sobre la variación de *PDYN* entre razas de ganado, sino su contribución a una comprensión más profunda de la compleja interacción entre la variación genética, la selección artificial y los efectos ambientales. La bibliografía es actual y en ella se citan trabajos previos de los autores que se condicen con la temática desarrollada en el trabajo. Los resultados resultan relevantes para ser aplicados con fines provechosos a nivel productivo y hacen un aporte al desarrollo de la genética animal en nuestro país.

***BAG. Journal of Basic and Applied Genetics XXX (2): 7-20; 2019***

**MOLECULAR MARKER ANALYSIS OF SPIKE FERTILITY INDEX AND RELATED TRAITS IN A BREAD WHEAT RECOMBINANT INBRED LINE POPULATION**

**ANÁLISIS DE MARCADORES MOLECULARES PARA EL ÍNDICE DE FERTILIDAD DE ESPIGA Y CARACTERES ASOCIADOS EN UNA POBLACIÓN DE LÍNEAS ENDOCRIADAS RECOMBINANTES DE TRIGO PAN**

Panelo J.S., Alonso M.P., Mirabella N.E., Pontaroli A.C.



El trabajo estudió la posible asociación del índice de fertilidad de espiga (y caracteres relacionados) con marcadores moleculares. Es una contribución destacada para comprender un carácter tan complejo como es el rendimiento en este cultivo, y en otros, de gran interés para la producción agrícola nacional. El equipo de trabajo generó el material vegetal apropiado por hibridación entre variedades conocidas, obteniendo 146 RILs que presentaron diversidad genética para varios caracteres de interés para este cultivo. Estos genotipos noveles fueron analizados por métodos de genética cuantitativa y marcadores moleculares, que permitieron detectar dos regiones genómicas asociadas con la fertilidad de la espiga en los cromosomas 5BS y 7AS, estables a través de los tres años de evaluación. Como bien destacan los autores, el estudio aporta información novedosa acerca de las bases moleculares de la fertilidad de la espiga, carácter que definiría en gran parte la producción de granos. Se considera que esta línea de trabajo es un valioso aporte al conocimiento básico y aplicado para los mejoradores de trigo.

El jurado considera, también, que los siguientes trabajos son acreedores de una “MENCIÓN ESPECIAL”

**BAG. Journal of Basic and Applied Genetics XXX (2): 47-54; 2019**

**GENOME SIZE IN THREE SPECIES OF *Glandularia* AND THEIR HYBRIDS**

**TAMAÑO DEL GENOMA EN TRES ESPECIES DE *Glandularia* Y SUS HÍBRIDOS**

Ferrari M.R., Greizerstein E.J., Poggio L.

En este trabajo se estudió el contenido de ADN genómico de tres especies de *Glandularia* y sus híbridos naturales, en dos localidades geográfica y ecológicamente diferentes. En ejemplares diploides, analizaron el tamaño del genoma de las especies parentales encontrando variabilidad interpoblacional, de importancia adaptativa, y variabilidad intrapoblacional, sujeta a eventos ambientales y/o genéticos, que suponen causada por una fracción potencialmente inestable, como elementos transponibles. El contenido genómico de los híbridos fue intermedio al de las líneas parentales. El análisis de las meiosis de los híbridos sugirió una relación entre la diferencia en el contenido de ADN entre las especies parentales y la alta frecuencia de bivalentes heteromórficos. Se presentaron imágenes bien demostrativas de Metafase I de las tres especies de *Glandularia* y sus híbridos. Citan trabajos propios aportando datos recogidos a lo largo del tiempo, en los que evidenciaron variabilidad genética y epigenética en híbridos naturales y artificiales de *Glandularia*.

**BAG. Journal of Basic and Applied Genetics XXXI (2): 45-53; 2020**

**ALLELES ASSOCIATED TO DISEASE SEVERITY INDEX OF MAL DE RÍO CUARTO DISEASE IN MAIZE EXOTIC GERmplasm**

**ALELOS ASOCIADOS AL ÍNDICE DE SEVERIDAD DE LA ENFERMEDAD MAL DE RÍO CUARTO EN GERMOPlasma EXÓTICO DE MAÍZ**

Rossi E.A., Ruiz M., Bonamico N.C., Balzarini M.G.



El trabajo se enfocó en identificar nuevos alelos de resistencia asociados con el índice de severidad de la enfermedad Mal de Río Cuarto (MRC) de maíz, utilizando germoplasma exótico del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Esta población de líneas de maíz fue evaluada genotípicamente en ambientes en los que la enfermedad es endémica y se utilizaron marcadores SNP, obtenidos mediante genotipado por secuenciación, disponibles públicamente en el repositorio de datos de CIMMYT. El mapeo por asociación permitió identificar un número importante de posibles QTL de resistencia a MRC. Los autores destacan que la selección asistida por marcadores constituiría una herramienta promisoría para seleccionar genotipos resistentes a MRC. La bibliografía es actual y se mencionan en ella trabajos previos de los autores sobre esta temática.

Graciela Del  
Rey

Eric Martínez

Ana Honfi

Liliana Picardi

Daniel Maizon

Lucila  
Hinrichsen