



# XIII SIMPOSIO REDBIO ARGENTINA 2021

“La Biotecnología como Solución a  
Desafíos Pasados, Presentes y Futuros”

7 AL 11 DE JUNIO DE 2021

MODALIDAD VIRTUAL



## Comisión Directiva de REDBIO Argentina AC

**Presidente:** Marisa López Bilbao –INTA

**Secretaria:** Eleonora Campos –INTA

**Tesorero:** Alejandro Escandón –INTA

**Vocal 1ero:** Patricia Marconi –CONICET

**Vocal 2do:** Sandra Sharry –UNLP

**Vocal 3ero:** María Patricia Benavides –CONICET

**Vocal Suplente 1:** Sebastián Moschen –INTA

**Vocal Suplente 2:** Patricia Boeri –CONICET

**Fiscal 1ero:** Ezequiel Bossio –INTA

**Fiscal 2do:** Laura Radonic –INTA

**Fiscal 3ero:** Pamela Villalba –INTA

## Comisión Organizadora REDBIO 2021

Marisa López Bilbao (Presidente)

Sandra Sharry (Vicepresidente)

Eleonora Campos

Laura Radonic

María Carolina Martínez

María Patricia Benavides

Patricia Marconi

Ezequiel Bossio

Sebastián Moschen

Alejandro Escandón

Pamela Villalba

---

# Comisión Científica REDBIO 2021

Atilio Castagnaro  
Viviana Echenique  
Eduardo Blumwald  
Adrián Vojnov  
Esteban Hopp  
Graciela Salerno  
María Rosa Marano  
Elizabeth Agostini  
Ruth Heinz  
Alejandro Mentaberry  
Gabriela Levitus  
María de la Paz Santángelo  
Clara Rubinstein

Diseño web y editorial:      María Belén Monini  
[mbmonini@gmail.com](mailto:mbmonini@gmail.com)

# ÍNDICE

DISERTANTES.....	2
Resúmenes de disertaciones.....	36
Apertura del XIII Simposio REDBIO2021 .....	36
¿Seguir o no seguir? La paradoja expuesta a través del pasado, presente y futuro de los transgénicos de segunda generación; el análisis a través de un desarrollo nacional.....	37
Acompañar al BIODesarrollo: propuestas para desafíos pendientes .....	38
Polvo de estrellas, extremófilos y biotecnología: una historia de transformaciones.....	39
INCUINTA: Aplicación de las plataformas de nanoanticuerpos recombinantes y de Anticuerpos IGY como herramientas para diagnóstico y tratamiento al SARS COV2 .....	40
Tecnología de Amplificación Isotérmica (LAMP) para el diagnóstico de enfermedades de importancia agronómica y en salud humana.....	41
COVIDAR IgG y COVIDAR IgM, dos kits desarrollados y elaborados en Argentina de gran utilidad en el sector público y privado de salud en relación al manejo del COVID-19 .....	43
Control del ciclo celular y resistencia a la salinidad y la sequía: «to WEE1 or not to WEE1” .....	44
Funciones y Aplicaciones del Sistema GRF-GIF: de la Regulación de Células Madre a la Regeneración en Plantas y Edición Génica de Cultivos.....	45
Edición del gen Gn1a en la variedad de arroz LLanura 11 (japónica) para aumentar el número de granos usando CRISPR-Cas9.....	46
Presente y futuro de la edición génica de papa en Argentina .....	47
El poder de las sinergias para desarrollar una mejor agricultura con CRISPR .....	49
Xenotrasplante: Un nuevo enfoque biotecnológico para los animales genéticamente modificados de uso agropecuario.....	49
De la transgénesis a la edición génica en animales de producción. ....	51
Avances en clonación y edición génica en equinos.....	52
Modelado y corrección de enfermedades genéticas mediante CRISPR y células madre pluripotentes inducidas.....	54
Secuenciación y análisis del genoma de coníferas: estudio de Pinus pinaster .....	56
Biodiversidad de trigo: el camino para afrontar la seguridad alimentaria y el cambio climático Wheat biodiversity: the way to face food security and climate change.....	58
Avances ómicos y mejoramiento genético para la seguridad alimentaria en África y Asia.....	59
Genómica y fertilidad en el caballo: Donde estamos y hacia dónde vamos.....	59
Ambiente uterino y programación fetal en bovinos: una mirada desde lo ómico .....	61
Aplicación de tecnologías -ÓMICAS para acelerar la mejora genética animal: casos prácticos....	62
Biotecnología e impacto social Biotecnología vegetal, cómo los productos llegan (¿llegan?) a la sociedad. ....	63

Desarrollo de tecnologías avanzadas de microalgas para una economía circular.....	64
Procesos industriales relacionados con la producción de microalgas .....	65
Bacterial Synthetic Biology as a strategy towards production of value-added xeno-compounds	67
Desarrollo del cultivo <i>in vitro</i> de Yacón ( <i>Smallanthus sonchifolius</i> ) en la BioFábrica de la Universidad Nacional de Hurlingham, para generar foco productivo en la región y elaboración de alimentos en base a este cultivo con propiedades nutritivas y fitomedicinales (o nutraceuticas). .....	67
Activación de la respuesta de defensa contra el patógeno <i>Botrytis cinerea</i> mediada por un compuesto producido por el patógeno <i>Colletotrichum acutatum</i> en frutilla.....	69
La bioeconomía y la transformación de los sistemas alimentarios de América Latina y el Caribe	70
Bosques del siglo XXI: Hacia una economía circular en el ámbito forestal.....	71
Ecosistema de Biotecnología Industrial del Ecuador: retos y oportunidades para una circularización económica.....	73
Resúmenes de trabajos científicos.....	74
Biotecnología Animal .....	76
BA1. Efecto del ácido alfa lipoico sobre el desarrollo preimplantacional bovino y la calidad embrionaria <i>in vitro</i> .....	76
BA2. Plataforma de suplementación de oligonutrientes para aplicación en medicina veterinaria. ....	77
BA3. Impacto de la nueva vacuna a subunidad direccionada contra el VDVB en un tambo con problemas reproductivos Bellido, D* (1,2); Tibaldo Rubiolo, F (2); Sueldo, P (2); Baztarrica, J (1,2); Wigdorovitz, A. (1,3).....	78
BA4. Generación de deleciones en GGTA1 en embriones porcinos asistida por CRISPR-Cas9 como ADN o como complejo (proteína y ARN).....	80
BA5. Análisis de Bloques de Homocigosidad en cabras lecheras españolas para estimar la endocría a nivel genómico .....	81
Bioeconomía y Comunicación .....	85
BC1. El desafío de salir de la “zona de confort” para comunicar biotecnología: la experiencia de ArgenBio a través del proyecto Infoalimentos.....	85
BC2. Los desafíos de comunicar sobre edición génica de plantas: lecciones aprendidas .....	86
BC3. La biotecnología como herramienta social .....	88
BC4. Residuos lignocelulósicos de México y su potencial aplicación en la producción de etanol .....	89
BC5. ¿Cuidamos lo que logramos con la biotecnología? .....	91
BC6. Edición génica: evolución en el tratamiento regulatorio.....	92
BC7. Una segunda oportunidad para los residuos vitivinícolas locales: recuperación de compuestos antioxidantes del orujo de uva .....	93
BC8. Valorización de subproductos olivícolas mediante la recuperación, purificación y concentración de antioxidantes naturales.....	94
BC9. Evaluación de antioxidantes naturales obtenidos de subproductos olivícolas .....	95

BC10. Métodos y tecnologías de propagación y domesticación de plantas para el desarrollo de una bioeconomía local basada en la biodiversidad .....	97
BC11. Edición génica por CRISPR-Cas9: delimitación ética en el mejoramiento genético vegetal.....	98
Biotecnología de Microorganismos.....	102
BM1. Red RENUWAL: red CYTED iberoamericana para el tratamiento de efluentes con microalgas .....	102
BM2. Caracterización de levaduras aisladas de kefir como potenciales agentes de control biológico en especies de <i>Aspergillus</i> .....	103
BM3. Estudio de un proceso de bioestimulación de microorganismos autóctonos en suelos contaminados con hidrocarburos del petróleo de la cuenca neuquina .....	105
BM4. Producción de carotenoides por <i>Rhodotorula mucilaginosa</i> , reutilizando un desecho de la industria olivícola.....	106
BM5. Producción de N-acil homoserín lactonas por la rizobacteria <i>Burkholderia</i> sp. y rol de los sistemas de quorum sensing sobre actividades biocontroladoras de fitopatógenos fúngicos de maní .....	107
BM6. Tratamiento biológico acoplado a fotocatalisis para la degradación eficiente de efluentes de la industria textil.....	109
BM7. Sucesión temprana de cepas bacterianas procedentes de comunidades multiespecie asociadas como biofilm en la rizósfera de alfalfa .....	110
BM8. Posición filogenética y características simbióticas de cepas de <i>Mesorhizobium</i> utilizadas como inoculantes de garbanzo .....	112
BM9. Evaluación del secretoma de <i>Pycnoporus sanguineus</i> obtenido sobre diferentes fuentes de carbono, y su potencial uso industrial .....	113
BM10. Bioprospección de enzimas activas sobre carbohidratos codificadas en el genoma de <i>Pycnoporus sanguineus</i> .....	114
BM11. Actividad (hemi)celulolítica de <i>Paenibacillus xylanivorans</i> .....	116
BM12. Selección de estrategias biológicas de remediación para el tratamiento de efluentes de curtiembre.....	117
BM13. Actividad antimicrobiana de cepas del género <i>Burkholderia</i> contra fitopatógenos de relevancia agronómica .....	118
BM14. Impacto de las nanopartículas de magnetita sobre <i>Bradyrhizobium japonicum</i> .....	119
BM15. Optimización de la nodulación de la soja por exposición bacteriana a nanopartículas de magnetita .....	121
BM16. Optimización del escalado de la producción de un agente de biorremediación para el tratamiento de efluentes de curtiembre .....	122
BM17. Bioprocesos para la biorremediación de aguas contaminadas utilizando microalgas autóctonas.....	124
BM18. Caracterización de cepas autóctonas de <i>Streptomyces</i> como potenciales agentes de control biológico y promotoras del crecimiento vegetal .....	125
BM19. Desarrollo de una vacuna recombinante contra la coccidiosis aviar .....	126

BM20. Evaluación del efecto antifúngico de matrices metabólicas de <i>Ganoderma lucidum</i> sobre <i>Pseudocercospora fijiensis</i> Morelet, agente causal de la Sigatoka Negra a nivel <i>in vitro</i> .....	128
BM21. Evolución dirigida de toxinas de <i>Bacillus thuringiensis</i> para el control del picudo del algodón ( <i>Anthonomus grandis</i> ) mediante la técnica de phage display.....	129
BM22. Desarrollo de tensioactivos catiónicos derivados de aminoácidos con actividad biocida y potencial aplicación para el control de bacterias y levaduras.....	131
BM23. Microorganismos con capacidad degradadora de hidrocarburos aislados de un suelo de Tierra del Fuego crónicamente contaminado con petróleo .....	132
BM24. Respuestas fisiológicas de materiales de soja en simbiosis con micorrizas bajo estrés por sequía.....	134
BM25. Aislamiento y caracterización morfológica de bacterias del género <i>Bradyrhizobium</i> provenientes de parcelas agrícolas del Chaco central paraguayo .....	135
BM26. Aislamiento de <i>Pseudomonas fluorescens</i> de zonas agrícolas de Paraguay .....	136
<b>Biotechnología Vegetal .....</b>	<b>139</b>
BV1. La sobre-expresión del factor de transcripción Ha-NAC01 de girasol promueve la senescencia foliar en plantas transgénicas de petunia.....	139
BV2. Tecnología de silenciamiento génico para resistencia al picudo en el algodón: resultados preliminares en la generación T1 .....	140
BV3. Caracterización de metalotioneínas de algas para su uso en biorremediación de metales pesados.....	141
BV4. Aislamiento del promotor de un gen de Metalotioneína Tipo II de yerba mate y construcción de un vector para su uso en transformación.....	143
BV5. Una nueva estrategia para la recuperación <i>in situ</i> de antraquinonas en cultivos <i>in vitro</i> de raíces transformadas de <i>Rubia tinctorum</i> basada en el agregado de hexadecano y dodecano.....	144
BV6. Knock-out vía CRISPR/Cas9 del gen SPL13 en lechuga .....	145
BV7. Edición de base del gen de la acetolactato sintasa de lechuga .....	146
BV8. Identificación en papas andinas de nuevas regiones genómicas relacionadas al endulzamiento inducido por frío.....	148
BV9. Transformación genética de papa cultivar Spunta para aumento de la tolerancia a estrés hídrico .....	149
BV10. Caracterización del proceso de senescencia foliar en girasol a partir de la toma de imágenes a campo.....	151
BV11. Optimización de un diseño experimental para el estudio de la interacción <i>Citrus</i> - <i>Candidatus Liberibacter</i> spp., causante de la enfermedad <i>HuangLongBing</i> mediante análisis de RNA-seq.....	152
BV12. Caracterización molecular de cultivares de pecán, <i>Carya illinoensis</i> , para su identificación y análisis de diversidad genética .....	154
BV13. Efecto de bacterias rizosféricas nativas en el enraizamiento <i>in vitro</i> de <i>Handroanthus impetiginosus</i> .....	155

BV14. Cultivos Bt: estrategias para retrasar el desarrollo de resistencia en poblaciones de insectos blanco.....	157
BV15. Efecto de LEC2 sobre la expresión de proteínas heterólogas en hojas de <i>Nicotiana benthamiana</i> .....	158
BV16. Selección de individuos de algodón mutagenizados en generación M4, en respuesta a estrés hídrico y salino.....	159
BV17. Estudio del efecto de diferentes dosis de mutágenos físicos y químicos sobre plantas de algodón.....	161
BV18. Cultivo de callos y desarrollo de un protocolo de micropropagación de <i>Stevia maimarensis</i> .....	162
BV19. Inmovilización de la enzima de hiosciamina 6 $\beta$ -hidroxilasa a hidrogeles de quitina para su reutilización en la producción de anisodamina y escopolamina.....	164
BV20. Selección de macrófitas acuáticas para la fitorremediación de efluentes domiciliarios y de curtiembre de la Provincia de Córdoba.....	166
BV21. Modulación del ciclo de cultivo de <i>Solanum tuberosum</i> : Identificación de los componentes del reloj circadiano.....	167
BV22. Obtención de plantines de yacón ( <i>Smallanthus sonchifolius</i> ) mediante micropropagación in vitro .....	168
BV23. Efectividad de la acción combinada de quitosano y la bacteria PGPR <i>Pseudomonas protegens</i> CHA0 en el crecimiento de plantas de tomate .....	170
BV24. Nuevos productos de protección vegetal basados en nanoarcillas funcionalizadas.	171
BV25. Identificación de viroides en la región citrícola de Río Uruguay .....	172
BV26. Variabilidad genética y mapeo por asociación para tamaño y forma de grano de trigo candeal ( <i>Triticum turgidum</i> L. var. <i>durum</i> ) .....	173
BV27. Caracterización de la región genómica ligada al locus determinante de la apomixis en <i>Eragrostis curvula</i> .....	174
BV28. Análisis genéticos en <i>Bacharis salicifolia</i> (Asteraceae) utilizando marcadores AFLPs .....	176
BV29. Familia de genes Snakin/GASA de <i>Solanum tuberosum</i> : estudio funcional de Snakin-3 .....	177
BV30. Un abordaje molecular para entender el proceso de transferencia viral vía plasmodesmos durante la infección sistémica de ADV en alfalfa.....	178
BV31. Evaluación de la resistencia a patógenos y caracterización metabólica de cultivares de papa producidos en el Cinturón Hortícola de Rosario .....	179
BV32. Caracterización de péptidos antimicrobianos de origen endógeno como estrategia biotecnológica para mitigar el impacto del Huanglongbing y otras enfermedades bacterianas de cítricos .....	181
BV33. Nuevas tecnologías de producción vegetal frente al cambio climático: Mejoras de rendimiento en condiciones de sequía y alto CO <sub>2</sub> .....	182

BV34. Multiplicación <i>in vitro</i> de <i>Aloysia gratissima</i> (Gill. et Hook) Troncoso (cedrón del monte, usillo), especie silvestre aromática de interés comercial, como alternativa para su conservación y producción.....	184
BV35. Comparación de diferentes medidas de parentesco basadas en la noción de identidad por descendencia e identidad por estado en una población de selección de <i>Eucalyptus dunnii</i> .....	185
BV36. Expresión del factor de crecimiento fibroblástico básico humano recombinante en plantas transplásticas de <i>Nicotiana tabacum</i> .....	187
BV37. Caracterización molecular mediante genotipificación por secuenciación de las razas VArg1 y VArg2 de <i>Verticillium dahliae</i> patogénicas de girasol.....	188
BV38. Purificación y caracterización parcial de un nuevo inhibidor de tripsina con actividad antifúngica obtenido a partir de semillas de morrón amarillo .....	190
BV39. Desarrollo de técnicas para el análisis de la fluidez de las membranas de duraznos sometidos a distintos tratamientos poscosecha.....	191
BV40. Efectos de las diferencias en metilación del ADN de inflorescencias en el modo reproductivo de <i>Eragrostis curvula</i> .....	192
BV41. Temperaturas elevadas durante el almacenamiento de semillas. Relación entre el estado redox y las modificaciones del perfil metabólico-hormonal en el desarrollo de la planta .....	194
BV42. El rol de TGS1 en el procesamiento de ARNs durante el desarrollo reproductivo de <i>Paspalum notatum</i> .....	195
BV43. Regulación del crecimiento del brote y la translocación de azúcares en tubérculos de plantas de papa que sobreexpresan la bomba de protones PHA1 de <i>Solanum tuberosum</i> . .....	196
BV44. La subunidad catalítica de la fosfatasa de proteínas 2A (StPP2Ac2b) está involucrada en el control de la brotación de los tubérculos en <i>Solanum tuberosum Spunta</i> .....	198
BV45. Análisis comparativo de la tolerancia a arsénico de bacterias rizosféricas y su efecto sobre propiedades promotoras del crecimiento vegetal.....	199
BV46. Mejoramiento de la calidad nutricional del tubérculo de papa: aumento del contenido de hierro.....	201
BV47. Desarrollo de plantas de trigo ( <i>Triticum aestivum</i> L.) y maíz ( <i>Zea mays</i> L.) con expresión constitutiva de variantes de Cas9.....	202
BV48. Secuenciación de Nueva Generación como herramienta para la caracterización de eventos transgénicos de trigo .....	203
BV49. Inducción <i>in vitro</i> de callos en <i>Prunus persica</i> (L. Batsch) y análisis preliminar de su control genético .....	204
BV50. La co-inoculación como herramienta biotecnológica para reducir los efectos tóxicos y la acumulación de arsénico en plantas de soja.....	205
BV51. El priming de semillas de trigo con espermina evitó el desequilibrio redox inducido por cadmio en la raíz .....	207
BV52. Optimización de un protocolo de secuenciación de genoma completo de baja redundancia para girasol cultivado .....	208

BV53. Mecanismo de acción del efector TAL PthA4AT y su rol como controlador biológico en <i>Nicotiana benthamiana</i> .....	210
BV54. Las poliaminas como agentes de priming en trigo en condiciones de deficiencia de nitrógeno: estudios preliminares .....	211
BV55. Análisis fisiológico y molecular de genotipos de maíz contrastantes para la tolerancia a estrés térmico.....	212
BV56. Un análogo de brasinoesteroide confiere tolerancia a la sequía en soja.....	214
BV57. La subtilasa fúngica AsES induce la activación de la inmunidad antiviral en plantas	215
BV58. Bioprospección de metabolitos secundarios con potencial actividad antioxidante en harinas integrales del fruto de <i>Prosopis caldenia</i> Burkart de diferentes ecorregiones.....	216
BV59. Mapeo de QTLs en <i>Carthamus tinctorius</i> L.....	218
BV60. Selección <i>in vitro</i> de plantas mutantes de zarzamora ( <i>Rubus fruticosus</i> Cv. Tupi) resistentes a <i>Botrytis cinerea</i> a partir de ápices irradiados con rayos gamma.....	219
BV61. Estudios de Mapeo por Asociación para la identificación de regiones genómicas involucradas en la resistencia a la avispa de la agalla y cancro del tallo en <i>Eucalyptus grandis</i> .....	221
BV62. La inmunización oral con una proteína de choque térmico vegetal (Hsp90) – fusionada a un péptido del antígeno de superficie 1 (SAG1) de <i>Toxoplasma gondii</i> y producida en plantas de tabaco provoca fuertes respuestas inmunes y reduce el número de quistes y los signos clínicos de toxoplasmosis en ratones .....	222
BV63. Estrategias para la obtención de variedades de arroz tolerantes a condiciones de estrés abiótico mediante edición génica.....	224
BV64. Resultados preliminares para la propagación <i>in vitro</i> de <i>Prosopis caldenia</i> Burkart, una especie multipropósitos endémica de argentina.....	225
BV65. Producción de antraquinonas en raíces transformadas de <i>Rubia tinctorum</i> cultivadas en un biorreactor de agitación por onda de un solo uso mediante la combinación de elicitación y remoción <i>in situ</i> .....	226
BV66. Identificación de las dehidrininas de <i>Chenopodium quinoa</i> y caracterización de su respuesta al estrés salino .....	228
BV67. Caracterización de promotores tejido-específicos de <i>Sorghum bicolor</i> para su aplicación en la obtención de plantas resistentes a la infección por hongos del género <i>Claviceps</i> .....	229
BV68. Predicción de metabolitos secundarios en árboles de <i>Eucalyptus</i> mediante modelos de genotipificación y fenotipado de alto rendimiento .....	230
BV69. Análisis de asociación de todo el genoma en <i>Eucalyptus grandis</i> para la identificación de loci de caracteres complejos: crecimiento, calidad y composición química de la madera .....	231
BV70. HaHB11, las olas y el viento .....	233
BV71. Estimación de la variabilidad genética generada en poblaciones mutagenizadas de caña de azúcar.....	234

---

BV72. Selección genómica en <i>Eucalyptus dunnii</i> : comparación de predicciones obtenidas empleando una estrategia de Genotipado por secuenciación y el sistema comercial de SNP EuChip60K .....	235
BV73. Descripción del pardeamiento del fruto en una colección de germoplasma de duraznero y análisis preliminar de su control genético mediante un estudio de asociación de genoma completo .....	237
BV74. Identificación de genes/QTLs asociados a la resistencia a roya amarilla utilizando mapeo por asociación .....	238
BV75. GENeTyC: Uniendo biotecnología con el sector agro-productivo .....	240
BV76. Análisis de la diversidad genética y estructura poblacional en una población de mejoramiento de <i>E. camaldulensis</i> para bioenergía.....	241
BV77. Búsqueda y caracterización de los genes de resistencia (genes R) en girasol.....	243
BV78. Mapeo por asociación a genoma completo para la resistencia a enfermedades fúngicas en girasol.....	244
BV79. Biorremediación de efluentes hospitalarios mediante dos sistemas de humedales construidos.....	246
<b>PREMIOS REDBIO Argentina 2021 .....</b>	<b>247</b>

El tamaño y la forma del grano son caracteres claves que se han encontrado asociados al peso final de los granos. En este estudio se evaluó la variación del tamaño y la forma del grano de trigo candeal (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) y se estudiaron sus bases genéticas a través del Mapeo por Asociación. El largo, el ancho, el perímetro, el área y la forma del grano (relación ancho/largo) fueron evaluados en una población de 170 genotipos testeados en condiciones de campo. Estos materiales vegetales fueron genotipados con el Array de marcadores 35K (AFFIMETRIX), a partir del cual se utilizaron para este estudio 3.526 marcadores polimórficos de nucleótido simple (SNPs). La heredabilidad en sentido estricto fue de 0,67 para el largo del grano, 0,42 para el ancho del grano, 0,25 para el perímetro, 0,53 para el área y 0,55 para la relación ancho/largo de grano. Se observaron diferencias significativas entre genotipos para los cinco caracteres en estudio. Las medias observadas fueron de 7,7 mm ( $\pm 0,4$  mm) para el largo del grano, 3,5 mm ( $\pm 0,18$  mm) para el ancho de grano, 23,9 mm ( $\pm 1,38$  mm) para el perímetro, 20,7 mm<sup>2</sup> ( $\pm 1,86$  mm<sup>2</sup>) para el área y 0,45 ( $\pm 0,03$ ) para la relación ancho/largo de grano. Las correlaciones entre caracteres variaron en un rango de -0.57 entre el largo del grano y la relación ancho/largo de grano, y 0.85 entre el perímetro y el área. El mapeo permitió identificar un total de 12 SNPs asociados con el tamaño y la forma del grano: 6 para área (1A, 2A, 3B, 7A y 7B), 2 para largo del grano (2B y 3B) y 4 para la relación ancho/largo de grano (1B, 3A, 4B y 5B), mientras que no se observaron asociaciones para el perímetro y el ancho del grano. Algunas de estas regiones genómicas estuvieron asociadas con más de un carácter, observándose SNPs asociados al área y largo del grano en el cromosoma 3B. Con el fin de evaluar la variación genotipo x ambiente y entender mejor las bases moleculares de los caracteres en estudio se compararon los resultados provenientes de distintos ambientes. Futuros esfuerzos en validar estos loci ayudarán a entender su rol en la determinación del tamaño y la forma del grano y posibilitarán su adopción en programas de mejoramiento.

### **BV27. Caracterización de la región genómica ligada al locus determinante de la apomixis en *Eragrostis curvula***

Carballo, J. (1)\*; Zappacosta D. (1); Gallardo, J. (1); Selva, J.P. (1,2); Gallo, C.A. (1,3); Garbus, I. (1,4); Albertini E. (5); Caccamo, M. (6); Echenique V. (2).

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) y Departamento de Agronomía - Universidad Nacional del Sur-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. (2) Dpto. de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (3) Dpto. de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (4) Dpto. de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. (5) Department of Agricultural, Food and Environmental Science, University of Perugia, Perugia, Italy. (6) NIAB, Cambridge, Reino Unido.  
[\\*jcarballo@cerzos-conicet.gob.ar](mailto:jcarballo@cerzos-conicet.gob.ar)

*Eragrostis curvula* es una gramínea forrajera, naturalizada en regiones semiáridas de Argentina, que se caracteriza por contar con genotipos sexuales, apomícticos obligados y apomícticos facultativos. La apomixis está condicionada por una

región que regula el carácter, presente sólo en individuos apomícticos. Con el objetivo de identificar esta región y los genes que la componen se secuenciaron distintos genomas de *E. curvula*. El primer paso consistió en secuenciar y ensamblar genotipos con distintos modos reproductivos. Así, se secuenció el genoma del cultivar diploide sexual Victoria ( $2n=2x=20$ , 620 Mb), combinando las tecnologías PacBio, Chicago y Hi-C. También se secuenciaron los tetraploides apomícticos facultativos ( $2n=4x=40$ , 1200 Mb) Don Walter, utilizando las tecnologías Chormiun 10X y Oxford Nanopore, y Tanganyika INTA a través de la tecnología Illumina. De esta manera se obtuvo un genoma de excelente calidad en Victoria (N50: 43 Mb), de alta calidad en Don Walter (N50: 224.339 pb) y moderada en Tanganyika INTA (N50: 4.715 pb). Por otro lado, a través de la tecnología de genotipado por secuenciación (GBS) se construyó un mapa de ligamiento a partir de una población F1 proveniente de la cruce de un genotipo tetraploide apomíctico facultativo (donante de polen) y un genotipo sexual. En este mapa se identificaron 40 grupos de ligamiento en cada parental representando sus respectivos cromosomas. Dentro del grupo de ligamiento 3 del cultivar Don Walter se identificó una región ligada a la apomixis delimitada por cuatro marcadores. Combinando el genotipado por GBS con la secuenciación de los genomas fue posible identificar los marcadores ligados a la apomixis en cada uno de los genomas. De esta manera se comprobó que en los genomas apomícticos

existen regiones que no están presentes en el genoma sexual. Dentro de esas regiones se encontraron genes vinculados a mecanismos epigenéticos, genes reguladores de las vías reproductivas y otros genes no caracterizados funcionalmente que podrían estar relacionados al desarrollo reproductivo. La validación funcional de estos genes indica que estarían vinculados a mecanismo apomícticos, sin embargo se encuentran aún en estudio. La identificación de esta región y sus genes representa un avance en términos de este peculiar modo reproductivo. Finalmente se espera en el corto plazo mejorar el ensamblado de los genomas apomícticos para aumentar la resolución de la región condicionante del carácter, descubrir genes y regiones no codificantes y proponer un mecanismo de acción.

#### **BV28. Análisis genéticos en *Bacharis salicifolia* (Asteraceae) utilizando marcadores AFLPs**

Soldati, M.C. (1,2)\*; Simon, I.J. (3); Morales, M. (1,4).

(1) Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, CNIA, INTA, Argentina. (2) ESCEyN, Universidad de Morón, Argentina. (3) Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Hurlingham, Argentina. (4) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. \*[soldati.maria@inta.gob.ar](mailto:soldati.maria@inta.gob.ar)

*Bacharis salicifolia*, coloquialmente conocido como chilca, es un arbusto erecto, algunas veces postrado, que forma matorrales densos. Se encuentra presente desde Estados Unidos hasta Chile y Argentina, con una amplia distribución en nuestro país. Su hábitat principal son los montes del espinal y las orillas de ríos y arroyos, pero aparece frecuentemente en hábitats perturbados, como bordes de cultivo o banquinas de caminos rurales. Tiene acción repelente contra el gorgojo rojo, plaga mundial de granos almacenados, por lo que sería de gran interés para el mercado agropecuario. En este trabajo se obtuvieron datos genéticos de la especie utilizando marcadores AFLPs (*Amplified Fragment Length Polymorphisms*), nunca antes utilizados para su análisis. Se analizaron 24