

(Formerly MENDELIANA)



September 2020
Volumen XXXI
No. 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

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
Buenos Aires, Argentina

XLVIII

Congreso Argentino de Genética



Modalidad virtual

24 al 26 de septiembre de 2020



SAG

**Sociedad
Argentina
de Genética**

50° ANIVERSARIO

1969-2019

Comité Científico

Dra. Angela R. Solano

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas. Buenos Aires, Argentina.

Dra. Lucila I. Hinrichsen

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

Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Buenos Aires, Argentina

Dr. Pablo Gustavo Mele

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina.

Bq. Fernanda Soledad Jalil

Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas. Buenos Aires, Argentina.

Ing. Agr. María Irma de las Mercedes Hidalgo

Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste. Corrientes, Argentina.

Dra. Ariela Freya Fundia

Instituto de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Academia Nacional de Medicina. Buenos Aires, Argentina.

Dra. María Agustina Raschia

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de La Plata. Instituto E.A. Favret, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham. Buenos Aires, Argentina.

Dra. Ana Isabel Honfi

Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones. Instituto de Biología Subtropical Universidad Nacional de Misiones – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Posadas, Misiones, Argentina.

Dra. María Soledad Ureta

Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.

Dr. Pedro Rimieri

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino. Buenos Aires, Argentina.

VARIACIÓN GENÉTICA DE LA DORMICIÓN POSTCOSECHA EN GIRASOL CULTIVADO

Hernández F.¹, M. Meier², A. Presotto¹. ¹Universidad Nacional del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ²Asociación de Cooperativas Argentinas, Buenos Aires, Argentina. fherandez@cerzos-conicet.gob.ar

Para la industria de semilla híbrida, una prolongada dormición postcosecha (DPC) puede dificultar la provisión de semilla a los productores e incrementar los costos de almacenamiento. En girasol, los frutos presentan DPC, la cual puede durar semanas o meses, dependiendo del genotipo, el ambiente de producción y las condiciones de germinación. Para explorar la diversidad genética en la DPC se evaluó la dormición de 23 líneas de girasol aceitero (11 mantenedoras y 12 restauradores), parentales de híbridos comerciales de ACA Semillas en dos ambientes: frutos producidos a campo (CAMPO) e invernáculo (INV), y cinco tratamientos producto de dos momentos postcosecha: 2 y 6 semanas de almacenamiento a 25 °C (T1 y T2) y tres condiciones de germinación: 10 °C y 25 °C constantes (en T1 y T2) y 20/10 °C alterno (sólo en T1). En promedio, en T1 la germinación a los 16 días varió de 0% (a 10 °C en ambos ambientes) a 79% y 85% (a 25 °C en CAMPO e INV) mientras que en T2 varió de 21% y 44% (a 10 °C en CAMPO e INV) a 100% (a 25 °C en ambos ambientes). Debido a la escasa variación genética observada, dos tratamientos (T1 a 10 °C y T2 a 25 °C) no fueron analizados. Para el resto, la germinación varió de 0 a 100% entre genotipos en ambos ambientes y se encontraron diferencias significativas entre genotipos, ambientes, tratamientos, y todas las interacciones. La mayor parte de la variación fue explicada por el tratamiento (73%), seguido del genotipo (12%) y la interacción genotipo*ambiente (6,5%). Existe una amplia variación genética para la DPC en girasol cultivado, aún dentro del germoplasma elite.

EVENTOS BIOTECNOLÓGICOS NACIONALES DE ALGODÓN PARA EL CONTROL DEL PICUDO DEL ALGODONERO: AVANCES Y PERSPECTIVAS

Maskin, L.¹, M. Turica¹, R. Salvador², J. Niz², A. Pedarros², E. Hopp³, D.M. Lewi¹. ¹Instituto de Genética, Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), INTA. ²Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), CICVyA, INTA. ³Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. dlewi@magyp.gob.ar

El picudo del algodón (*Anthonomus grandis* Boheman) es una de las principales plagas que afecta al cultivo de algodón en Argentina. La etapa larval de este insecto se desarrolla dentro del botón floral, dañando drásticamente la fibra del algodón y dificultando su control mediante insecticidas químicos y enemigos naturales. La obtención de plantas transgénicas resistentes a esta plaga surge como una estrategia alternativa para disminuir su impacto negativo sobre la producción algodonera. A partir de dos ensayos independientes se obtuvieron dos grupos de eventos transgénicos que portan una construcción que inducirá la interferencia (ARNi) un gen del intestino del picudo. Al comparar ambos eventos en cuanto a fenotipo y capacidad reproductiva, se confirmó que mientras el grupo 1 desarrolló variadas malformaciones en algunas plantas y esterilidad en todas ellas, en el grupo 2 todos los eventos fueron fenotípicamente normales y fértiles. Otro objetivo planteado es la búsqueda de alternativas a los eventos ya obtenidos. Para ello, se estudiaron nuevos blancos de silenciamiento mediante el uso de virus que inducen silenciamiento génico (VIGS) y se obtuvieron construcciones genéticas que permiten la síntesis simultánea de ARNdc contra diferentes genes blanco de la plaga. También se realizan estudios sobre promotores específicos del botón floral del algodón con el fin de redirigir la síntesis de ARNi hacia este órgano. Actualmente se ha logrado amplificar y clonar este tipo de promotor en vectores con genes marcadores que permitirán evaluar su actividad in situ. La evaluación de los eventos transgénicos obtenidos y la generación de otros nuevos se encuentran en curso con el fin de lograr una resistencia significativa a esta plaga clave del algodón.