

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





# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXI - No. 1 (suppl.)

September 2020

Included in:



Cited by:



# Comité Editorial

## Editor General:

### Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias  
Universidad Nacional de Mar del Plata  
Consejo Nacional de Investigaciones  
Científicas y Técnicas  
Balcarce, Argentina  
camadro.elsa@inta.gob.ar

## Editores Asociados:

### Citogenética Animal

#### Dra. Liliana M. Mola

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

### Citogenética Vegetal

#### Dr. Julio R. Daviña

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

### Genética de Poblaciones y Evolución

#### Dr. Juan César Vilardi

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

### Genética Humana, Médica y Citogenética

#### Dra. Silvia Adela Ávila

Hospital Castro Rendón. Universidad Nacional del Comahue. Neuquén, Argentina.  
silvia347@gmail.com

#### Dra. María Inés Echeverría

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

#### Dr. José Arturo Prada Oliveira

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

#### Dr. Bernardo Bertoni Jara

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

### Genética Molecular (Animal)

#### Dr. Guillermo Giovambattista

Instituto de Genética Veterinaria. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de La Plata. 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. Castelar, Argentina  
acevedo.alberto@inta.gob.ar

#### Dr. Andrés Zambelli

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

### Genética y Mejoramiento Animal

#### Dra. Liliana A. Picardi

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Rosario. Zavalla, Argentina  
lpicardi@unr.edu.ar

#### Dra. María Inés Oyarzábal

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

### 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. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Mendoza, Argentina  
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

#### Dr. Rodomiro Ortiz

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

#### Dra. Mónica Poverene

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

#### Dr. Pedro Rimieri

Profesional Asociado, Asesor Científico – Técnico. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Buenos Aires, Argentina

### Mutagénesis

#### Dr. Alejandro D. Bolzán

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

### Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

#### Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto Raúl Prina

Instituto de Genética "Ewald A. Favret". Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Castelar, Argentina.  
prina.albertoraul@inta.gob.ar

### Consultores Estadísticos:

#### Dr. David Almorza

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

#### Dra. María Purificación Galindo Villardón

Facultad Medicina, Campus Miguel de Unamuno. Universidad de Salamanca. Salamanca, España  
pgalindo@usal.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

### Diseño y maquetación:

#### Mauro Salerno

maurosalerano92@gmail.com

### Corrección de estilo:

#### Dr. Mariano Santini

marianosantini@yahoo.com.ar

---

### Imagen de tapa:

*Amanecer en el Iberá®*

J. Federico Maune

---

Nota: Los resúmenes se publican en este suplemento como fueron originalmente enviados por los autores, excepto por correcciones formales y ortográficas menores realizadas por los editores.

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.

## Auspiciantes



## Patrocinadores







Excelencia tecnológica y calidad de servicios



Biodynamics



## Contenidos

9	<b>CONFERENCIAS</b>	
16	<b>SIMPOSIOS</b>	
46	<b>ESPACIO JOVEN</b>	
52	<b>COMUNICACIONES LIBRES</b>	
52	<b>CA. CITOGENÉTICA ANIMAL</b>	
57	<b>CH. CITOGENÉTICA HUMANA</b>	
61	<b>CV. CITOGENÉTICA VEGETAL</b>	
65	<b>GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS</b>	
70	<b>GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN</b>	
82	<b>GH. GENÉTICA HUMANA</b>	
88	<b>GM. GENÉTICA MÉDICA</b>	
97	<b>GV. GENÉTICA VEGETAL</b>	
103	<b>GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN</b>	
107	<b>GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL</b>	
110	<b>GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR</b>	
123	<b>MV. MEJORAMIENTO VEGETAL</b>	
146	<b>MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL</b>	



## VARIACIÓN MOLECULAR DE *Plasmopara halstedii* EN ARGENTINA MEDIANTE MARCADORES BASADOS EN REPETICIONES DE SECUENCIA SIMPLE (SSR)

Martínez, A.L., Garayalde, A., Petruccelli, M., Erreguerena, I., Quiroz, F., Carrera, A. INTA EEA Balcarce, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. [almartinez@cerzos-conicet.gob.ar](mailto:almartinez@cerzos-conicet.gob.ar)

Con el objetivo de explorar la variabilidad del patógeno *P. halstedii* (Farl.) Berl. et de Toni, causante del mildiu de girasol en Argentina, se emplearon ocho *loci* SSR en 42 aislamientos colectados en 2013 a 2018 de las regiones Centro (Buenos Aires) y Norte (Chaco y Santa Fe). Se determinaron las razas de los aislamientos en ensayos de patogenicidad ante líneas diferenciales de girasol. Se calculó el número de alelos por *locus*, heterocigosis observada y esperada (Ho y He). La matriz de distancia genética se sometió al análisis AMOVA, con regiones (dos), años (cuatro) y razas (seis) como fuentes de variación. Se definieron grupos poblacionales por método bayesiano. El número medio de alelos por *locus* fue 2,6 variando de 1 a 4 (21 totales). En 2017 se observó el mayor número de alelos y de razas. Ho y He promedio fueron 0 y 0,369, respectivamente. A través del AMOVA, se encontró variación genética atribuible a diferencias entre regiones (7 %) y entre años (32 %), pero no se encontró diferenciación genética asociada a razas. Asimismo, no se observó correlación entre distancia geográfica y genética (Mantel,  $r = 0,114$ ). El análisis de estructura poblacional del *P. halstedii* en Argentina mostró cuatro grupos, explicados principalmente por el factor año. La ausencia de heterocigotos se asocia a la reproducción sexual predominantemente homotálica de *P. halstedii*. El incremento de la variabilidad genética observado en los últimos años podría estar relacionado con la reciente aparición de nuevas variantes patogénicas en nuestro país, causantes de pérdida de eficacia de genes de resistencia y/o de fungicidas.

## POTENCIAL DE LÍNEAS FLINT DEL NORTE DE EUROPA PARA MEJORAR EL RENDIMIENTO DEL MAÍZ DEL PATRÓN HETERÓTICO REID × LANCASTER

Genin, A.N.<sup>1</sup>, C. López<sup>2</sup>, J. Doll<sup>3</sup>, F. S. Montiel<sup>1</sup>, S. Incognito<sup>2</sup>. <sup>1</sup>KWS Argentina S.A. Córdoba, Argentina. <sup>2</sup>IIPAAS-FCA, UNLZ, Buenos Aires, Argentina. <sup>3</sup>FCA UNLZ, Buenos Aires, Argentina. [alejandro.genin@kws.com](mailto:alejandro.genin@kws.com)

La selección de progenitores es una tarea fundamental en el desarrollo de cultivares híbridos dentro de un programa de mejoramiento genético. Una mayor atención deber ser puesta en identificar germoplasma con alelos favorables no presentes en los materiales élite. En el presente estudio, se evaluó un grupo de cinco líneas Flint del Norte de Europa (FNE) de ciclo FAO100 (PD1-5) y una línea adaptada de ciclo FAO700 (PD6) como padres donantes (PD) de alelos favorables para mejorar el rendimiento en grano (RG) de cuatro híbridos élite (HE) representativos del patrón heterótico Reid × Lancaster formado por los cruzamientos de dos líneas parentales élite (P) de cada grupo heterótico. Las seis PD, las dos P, los cuatro HE, los 24 cruzamientos PD×P y ocho testigos comerciales se evaluaron en 4 ambientes para RG. Las FNE, PD1 y PD6, generaron cruzamientos de RG comparable o superior a los testigos comerciales y fueron selectas como potenciales fuentes de alelos favorables por su elevada aptitud combinatoria general. También se evaluó la divergencia entre PD y P mediante un método biométrico y utilizando 9658 marcadores SNPs. La evaluación biométrica y molecular establecieron que para introgresar alelos desde PD1 y PD6, se las debe cruzar con P1 y derivar líneas por autofecundación directa de la F<sub>2</sub>. Los resultados indican que las FNE representan una fuente potencial de variabilidad genética útil para mejorar el RG del patrón heterótico Reid × Lancaster.