



October 2021
Volume XXXII
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



BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXII - No. 1 (suppl.)

October 2021

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
juliordavina@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:

Dra. Gabriela A. Leofanti

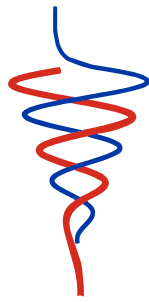
leofanti.gabriela@inta.gob.ar

Imagen de tapa:

Macá tobiano (*Podiceps gallardoi* Rumpoll).

Adriana Claudia Sanz

www.avesargentinas.org.ar



ALAG

CHILE

2021

XVIII Congreso Latinoamericano de Genética
LIV Reunión Anual de la Sociedad de Genética de Chile
XLIX Congreso Argentino de Genética
VIII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética
I Congreso Paraguayo de Genética
V Congreso Latinoamericano de Genética Humana

5 AL 8 DE OCTUBRE DE 2021

Organizadores



Comité Ejecutivo

Dr. Patricio González Hormazábal

Vice-Presidente Asociación Latinoamericana de Genética
Facultad de Medicina – Universidad de Chile. Chile.

Dr. Francisco A. Cubillos

Presidente Sociedad de Genética de Chile
Facultad de Química y Biología – Universidad de Santiago de Chile. Chile.

Ing. Agr. Dr. Juan Carlos Salerno

Vice-Presidente 2do. Asociación Latinoamericana de Genética
Ex-Presidente Sociedad Argentina de Genética
Instituto de Genética "E. A. Favret". INTA, Hurlingham. Argentina.

Dr. Bernardo Berton

Secretario Asociación Latinoamericana de Genética
Ex-Presidente Sociedad Uruguaya de Genética
Facultad de Medicina. Universidad de la República. Uruguay.

MSc Harvy Mauricio Velasco

Presidente Red Latinoamericana de Genética Humana
Ayudas Diagnósticas SURA. Colombia.

Dra. Elodía Torres

Presidente Sociedad Paraguaya de Genética
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales – Facultad de Ciencias Químicas – Universidad Nacional de Asunción. Paraguay.

Dr. Patricio Olguín

Secretario Sociedad de Genética de Chile
Programa de Genética Humana / Departamento de Neurociencias – Facultad de Medicina – Universidad de Chile. Chile.

Dr. Juan Francisco Calderón Giadrosic Posternack

Tesorero Sociedad de Genética de Chile
Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM)
Facultad de Medicina – Clínica Alemana Universidad del Desarrollo. Chile

Dra. Paola Krall

Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil Oriente
Hospital Luis Calvo Mackenna
Facultad de Medicina – Universidad de Chile

Ing. Bioinformática Karen Yasmine Oróstica Tapia

Directora Sociedad de Genética de Chile
Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas – Universidad de Chile. Chile.

Comité Científico

Dra. María Inés Oyarzabal

Facultad de Ciencias Veterinarias – Universidad Nacional de Rosario. Argentina.

Dra. Katherine Marcelain

Facultad de Medicina – Universidad de Chile. Chile.

Dra. Elsa L. Camadro

Universidad Nacional de Mar del Plata. CONICET. Argentina.

Dra. Magdalena Vaio

Facultad de Agronomía – Universidad de la República. Uruguay.

MSc. Elvio Gayozo Melgarejo

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales – Universidad Nacional de Asunción. Paraguay.

Dra. Rocío Ortiz López

Tecnológico de Monterrey – Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud. Monterrey. Mexico.

Dr. Stef de Haan

Centro Internacional de la papa. Perú.

M. en C. Juana Sánchez Alarcón

Laboratorio "Rafael Villalobos Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental – Universidad Autónoma de Tlaxcala. Mexico.

Dr. Ana Maria Benko-Iseppon

Departamento de Genética, Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal – Universidade Federal de Pernambuco. Brasil.

Auspiciantes



Contenidos

8	CONFERENCIAS	8
15	SIMPOSIOS	8
74	TALLERES	8
79	CURSO	8
81	COMUNICACIONES LIBRES	8
81	CA. CITOGÉNÉTICA ANIMAL	
84	CH. CITOGÉNÉTICA HUMANA	
91	CV. CITOGÉNÉTICA VEGETAL	
98	FG. FARMACOGÉNÉTICA	
103	GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS	
111	GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN	
136	GH. GENÉTICA HUMANA	
150	GM. GENÉTICA MÉDICA	
179	GV. GENÉTICA VEGETAL	
189	GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN	
192	GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR	
216	GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL	
222	MV. MEJORAMIENTO VEGETAL	
234	MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL	

Cultivos Industriales / Industrial Crops

MV 17

PRIORITIZATION OF CANDIDATE GENES IN QTL REGIONS ASSOCIATED WITH BIOENERGY-RELATED TRAITS IN SORGHUM (*Sorghum bicolor*) USING A MACHINE LEARNING ALGORITHM

Federico M.L.^{1,2}, M. Carrere Gomez^{2,3}, S. Chakrabarty⁴, L. Erazzú⁵, R. Snowdon⁴. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; ²Lab. Biotecnología, EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; ³ Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Argentina; ⁴Plant Breeding Dept., Justus Liebig University, Giessen, Germany; ⁵EEA-Famailá, INTA, Tucumán, Argentina. federico.marialaura@inta.gob.ar

Gene prioritization pipelines are designed to rank positional candidate genes (CG) within quantitative trait loci (QTL) and reduce the list of CG that is selected for further in-depth functional analysis. We have designed an integrated approach to prioritize CG in sorghum (*Sorghum bicolor*) combining the use of high-resolution QTL mapping, a machine learning algorithm, sequence analysis of the parental genomes and CG expression profiling. First, we re-mapped QTL associated with 20 different bioenergy-related traits in a recombinant inbred line (RIL) population from a cross between grain (M71) and sweet sorghum (SS79), genotyped using an Affymetrix 90K sorghum single nucleotide polymorphism (SNP) array. Thirty-eight QTL for 16 traits were identified using composite interval mapping; reference genome coordinates were determined for each QTL confidence interval and lists of positional CG generated. Positional CG lists were ranked using a machine learning algorithm, QTG-Finder2. Genomes of the RIL parental lines were re-sequenced in an Illumina NovaSeq 6000 (S4 flow cell, 300 cycles, PE150). Sequencing reads were aligned to the sorghum reference genome, BTx623, and SNPs were called for the parental genotypes. SNP effects on parental allele function were assessed using SNPeff. We also evaluated the tissue-specificity of each of the top 20% CG ranked by QTG-Finder2. Lastly, we generated a prioritized list of positional CG for each of the 38 QTL based on QTG-Finder2 rank, SNP presence/effect between parental alleles and expression profile. Taken together, these results bring us a step closer to finding the causal genes behind these set of bioenergy-associated traits.

MV 18

SELECCIÓN DE LÍNEAS R DE GIRASOL POR SU COMPORTAMIENTO A *Diaporthe helianthi* EN CAPÍTULO

Castano F.D.^{1,2}, M.A. Dinon^{1,2}, S.G. Delgado^{1,2}, M.R.A. Montoya^{2,3}, C.B. Troglia^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Argentina; ²Unidad Integrada Balcarce (UIB), Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. castano.fernando@inta.gob.ar

El objetivo fue evaluar y seleccionar líneas restauradoras de la fertilidad (R) de girasol, del plan de mejoramiento de la FCA-UNMdP, frente a inoculaciones asistidas con *Diaporthe helianthi* (Dh) en capítulos. Ocho líneas R y dos cultivares (testigos) fueron evaluados en el campo de la UIB durante 2020 y 2021 siguiendo un diseño en bloques, completos, aleatorizados con tres repeticiones. Un disco de 6 mm de diámetro con micelio fue colocado sobre un raspado superficial (1cm²) en el dorso de capítulos verde-amarillentos en 4 plantas/parcela. Cada año se empleó un aislamiento distinto. Los capítulos se cubrieron con bolsas Kraft y hubo riego por aspersión. A los 15 días se fotografió el dorso de capítulos cuyos síntomas superaron 1cm². Se obtuvo el área relativa (%) del capítulo con síntomas mediante el software Image-J. Los datos se transformaron al arco-seno $\sqrt{\%}$. Los efectos años, genotipos y año-genotipo fueron significativos ($p < 0,01$). La severidad de síntomas en 2020 (15,3%) fue mayor que en 2021 (1,7%), probablemente por diferencias de patogenicidad de Dh y/o las condiciones meteorológicas. La línea R14, con el valor máximo en 2020 (58,1%) y 2021 (3,1%), mostró la mayor alteración de respuesta a través de los años ($b=2,417$). La R16, con el valor promedio 2020/21 mínimo (3,2%), fue poco sensible a dicho cambio ($b=0,608$). Es decir, sus síntomas crecieron menos que proporcionalmente al pasar de un ambiente menos a otro más favorable para la enfermedad. Estos resultados señalan a R16 como la fuente de resistencia a Dh más promisorio a usar en mejoramiento.

UNMdP AGR 609/20; INTA Balcarce