

(Formerly MENDELIANA)



December 2022  
Volume XXXIII  
Issue 2 (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. XXXIII - No. 2 (suppl.)

December 2022

Included in:



Cited by:



BAG - Journal of Basic and Applied Genetics

Not yet assigned quartile

SJR 2021



# 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  
bag.editor@sag.org.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  
primieri730@gmail.com

### 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

maurosalerno92@gmail.com

### Corrección de estilo:

#### Dra. Gabriela A. Leofanti

leofanti.gabriela@inta.gob.ar

---

### Imágen de tapa:

Baño en el Iberá

J. Federico Maune

---

## Comité Científico

### **Dra. Viviana G. Solís Neffa**

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), FACENA - Universidad Nacional del Nordeste.

### **Dr. Pablo Mele**

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires (UBA-CONICET).

### **Dra. Silvia Ávila**

Hospital Provincial de Neuquén, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional del Comahue.

### **Dra. Florencia Giliberto**

Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

### **Med. Alejandra Mampel**

Instituto de Genética, Hospital Universitario, UN de Cuyo, Mendoza.

### **Dr. Ezequiel Bossio**

INTA. Instituto de Genética-IGEAF, Hurlingham.

### **Dr. Guillermo Giovambatista**

I GEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires.

### **Dra. Liliana A. Picardi**

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe.

### **Dra. María Soledad Ureta**

Departamento Agronomía, UN del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires.

### **Dra. Mónica Poverene**

Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca.

### **Dr. Juan César Vilardi**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Buenos Aires, CONICET, Buenos Aires.

### **Dr. Pedro Rimieri**

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

### **Ing. Agr. Ezequiel Grassi**

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba.

### **Dra. María Silvia Tacaliti**

Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, CISaV, Buenos Aires.

### **Dra. Natalia Bonamico**

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba.

### **Dra. María Andrea Tomás**

IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe.

### **Dra. Marina Díaz**

Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur. CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires.

### **Dr. Mauro Lifschitz**

IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe.

### **Dra. Gabriela Breccia**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

### **Dr. Javier Pereira da Costa**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

### **Dr. Guillermo Pratta**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

### **Dr. Vladimir Cambiaso**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

### **Dra Ana Ochogavía**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR)

### **Dr. Gustavo Rodríguez**

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

## Comisión organizadora local

### **Dr. Guillermo Seijo**

FACENA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Evelin Kovalsky**

FACENA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Gisella Via do Pico**

IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Sara Moreno**

FACENA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Patricia Novo**

FCA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. María Irma Hidalgo**

FCA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Ing. Agr. Florencia Galdeano**

FCA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Verena Reutemann**

IBONE (UNNE-CONICET)

### **Dra. Emilia Noelia Almirón**

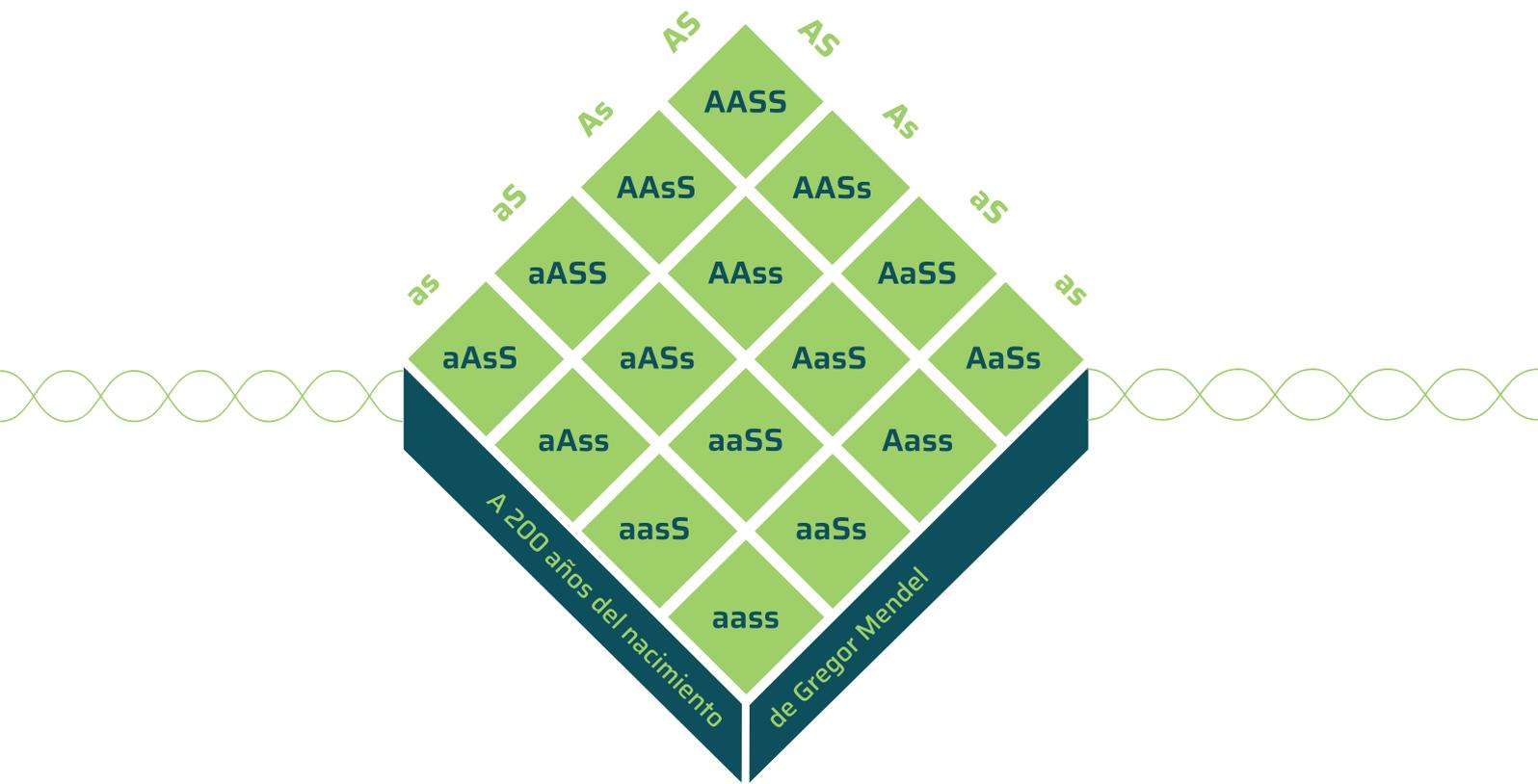
FACENA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Mgter. Federico Agostini**

FACENA (UNNE)  
IBONE (UNNE-CONICET)

### **Srta. Zara Brunel**

Instituto Médico Forense – Poder Judicial de Corrientes



# L CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA



# II JORNADAS REGIONALES SAG-NEA

2 al 5 de octubre de 2022

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste. Campus Deodoro Roca. Avenida Libertad 5460 - Corrientes.

## Organizadores



# SAG

Sociedad Argentina de Genética

Subsidios otorgados:



Patrocinios:



Declarada de Interés por:



## Contenidos

9	<b>CONFERENCIAS</b>	
14	<b>SIMPOSIOS</b>	
50	<b>FOROS</b>	
56	<b>COMUNICACIONES LIBRES</b>	
56	<b>CA. CITOGÉNÉTICA ANIMAL</b>	
59	<b>CH. CITOGÉNÉTICA HUMANA</b>	
63	<b>CV. CITOGÉNÉTICA VEGETAL</b>	
67	<b>FG. FARMACOGÉNÉTICA</b>	
70	<b>GMO. GENÉTICA DE MICROORGANISMOS</b>	
76	<b>GPE. GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN</b>	
90	<b>GH. GENÉTICA HUMANA</b>	
97	<b>GM. GENÉTICA MÉDICA</b>	
110	<b>GV. GENÉTICA VEGETAL</b>	
122	<b>GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN</b>	
126	<b>GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL</b>	
133	<b>GGM. GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR</b>	
146	<b>MV. MEJORAMIENTO VEGETAL</b>	
173	<b>MCTA. MUTAGÉNESIS, CARCINOGENESIS Y TERATOGENESIS AMBIENTAL</b>	

## MV 21

## RESECUENCIACIÓN DE GENOMAS DE SORGO (*Sorghum bicolor* L.): POLIMORFISMOS Y SU IMPACTO FUNCIONAL EN LA ACUMULACIÓN DE AZÚCARES Y PRODUCCIÓN DE BIOMASA

Carrere Gómez M.<sup>1</sup>, S. Chakrabarty<sup>2</sup>, A. Baricalla<sup>1,3</sup>, R. Snowdon<sup>2</sup>, Federico, M.L.<sup>4,5</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Plant Breeding Dept., Justus Liebig University, Giessen, Germany; <sup>3</sup>Centro de Bioinvestigaciones (CeBio), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>Lab. Biotecnología, EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina. E-mail: federico.marialaura@inta.gob.ar

Cientos de mapeos de loci de caracteres cuantitativos (QTL) han sido realizados en sorgo (*Sorghum bicolor* L.) con muy pocos genes causales identificados y validados. Este trabajo parte de un mapeo de QTL de alta resolución en una población de líneas recombinantes endocriadas (RILs) obtenidas cruzando un sorgo granífero (M71) con uno dulce (SS79), en el que se identificaron 38 QTLs asociados a la acumulación de azúcar y producción de biomasa y un total de 3.174 genes candidatos (GC) posicionales. A fin de identificar polimorfismos entre los genomas parentales de la población, se realizó una resecuenciación en un Illumina Novaseq 6000 (celda de flujo S4, 300 ciclos, PE150). Usando BTx623 v3.1 como genoma de referencia se identificaron SNPs e InDels utilizando SNIppy3.1, detectándose un total de 109.579 polimorfismos entre M71 y SS79 en los 38 QTLs. El impacto funcional de los polimorfismos sobre la función de los alelos parentales en los GC posicionales se evaluó utilizando SNPeff (151 GC con impacto alto, 754 moderado, 2.418 modificante y 701 bajo). De especial interés resultan aquellos alelos portadores de polimorfismos con impacto funcional alto que puedan explicar parte del contraste fenotípico observado entre los parentales. Por ejemplo, el gen *ma1* en M71 presenta una delección en el exón 1 que modifica el marco de lectura y trunca la proteína codificada. Este reconocido inhibidor de la floración colocaliza con un QTL de altura y producción de biomasa. Un análisis detallado de polimorfismos/ impactos nos permitió priorizar una lista de GC para futuras evaluaciones funcionales.

## MV 22

## ACUMULACIÓN DE PROLINA EN GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.) EN RESPUESTA A CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO

Mójica C.J.<sup>1,2</sup>, E.G. Peiretti<sup>1</sup>, N. Marcellino<sup>1,2</sup>, A.L. Furlan<sup>2,3</sup>, M.A. Ibañez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

La prolina es un aminoácido que se acumula en muchas especies vegetales y actúa como osmoprotector frente a condiciones de estrés biótico o abiótico. Este estudio tuvo por objeto caracterizar la acumulación de prolina en amaranto en respuesta al déficit hídrico. En un diseño simple al azar se evaluaron ocho genotipos de amaranto granífero desarrollados en la FAV-UNRC (tres cultivares y cinco líneas avanzadas), junto a un cultivar de sorgo y una maleza (*Amaranthus palmeri* S. Wats.), en carácter de testigos tolerantes a sequía, y a un híbrido de maíz, como testigo poco tolerante. El contenido de prolina se determinó tanto en hojas como en raíz, durante el período crítico de cada cultivo y bajo dos condiciones hídricas: capacidad de campo y estrés hídrico. El análisis mediante modelos lineales mixtos mostró interacción genotipo\*condición hídrica\*órganosignificativa ( $p < 0,05$ ). Las medias ajustadas se analizaron mediante el biplot GGE. La mayor acumulación promedio de prolina se detectó en hojas de sorgo y de *A. palmeri*, seguidos por los tres cultivares y dos líneas avanzadas de amaranto. A nivel de raíces, la mayor cantidad de prolina se cuantificó en maíz, *A. palmeri* y una línea de amaranto. La variabilidad observada en la acumulación de prolina constituye, potencialmente, una valiosa herramienta para identificar genotipos tolerantes a sequía en un plan de mejoramiento genético de amaranto. Los genotipos que se destacaron en este estudio serán luego evaluados a campo en distintos ambientes para ajustar el análisis de la relación entre la acumulación de prolina y el comportamiento agronómico.