

(Formerly MENDELIANA)



October 2023
Volume XXXIV
Issue 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6233

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

LI Congreso Argentino de Genética

1 al 4 de octubre de 2023 ★ Río Cuarto, Córdoba



“El secreto de la vida...”

La estructura del ADN, a 70 años de su publicación

Organizadores



SAG

Sociedad
Argentina
de Genética

Editorial Board

Comité Editorial

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina
bag.editor@sag.org.ar

Editores Asociados:

Citogenética Animal y Citogenética Vegetal

Dra. Liliana Mola

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

Dra. Mariel Schneider

Dep. de Ciências Biológicas, Universidade Federal de São Paulo. São Paulo, Brasil
maricb@rc.unesp.br

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

Dra. Mariana Pires de Campos Telles

Dep. de Genética, Laboratório de Genética & Biodiversidade, Escola de Ciências Médicas e Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás e Universidade Federal de Goiás. Goiás, Brasil
tellsmpc@gmail.com

Dra. María Isabel Remis

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

Dr. Juan César Vilardi

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

Genética Humana, Genética Médica, y Citogenética

Dra. María Inés Echeverría

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

Genética Humana

Dr. Carlos Bacino

Dept. of Molecular and Human Genetics, Baylor College of Medicine. Texas, USA
cbacino@bcm.edu

Genética Médica

Dr. José Arturo Prada Oliveira

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

Genética Médica y Molecular

Dr. Bernardo Bertoni Jara

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

Dra. Mev Domínguez Valentín

Oslo University Hospital. Oslo, Norway
mev.dominguez.valentin@rr-research.no

Genética Molecular Animal

Dr. Guillermo Giovambattista

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

Dr. Andrés Zambelli

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. 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

Dr. Gustavo Rodríguez Reynoso

Universidad Agraria La Molina, y Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología. Lima, Perú
gustavogr@lamolina.edu.pe

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

Dr. Rodomiro Ortiz

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

Dra. Mónica Poverene

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

Dr. Pedro Rimieri

Profesional asociado y asesor científico-técnico. INTA, Pergamino. Buenos Aires, Argentina
primieri730@gmail.com

Genética de Microorganismos

Dra. Mariel Sanso

Facultad de Ciencias. Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires. Tandil, Argentina
msanso@vet.unicon.edu.ar

Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán

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

Consultor Estadístico

Dr. David Almorza

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

GPE 23

AUTOINCOMPATIBILIDAD GENÉTICA EN DOS ESPECIES BRASICÁCEAS DE LA ARGENTINA

Tillera S.G.^{1,2}, A. Luzuriaga¹, C.E. Pandolfo¹, A.D. Presotto², M.S. Ureta^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), CONICET-UNS, Buenos Aires, Argentina. E-mail: tilleria.sofia@gmail.com

Las brasicáceas, una importante familia vegetal, incluyen especies que son malezas en los principales cultivos. Dentro de esta familia, numerosas especies presentan autoincompatibilidad, incapacidad de producir semillas por autofecundación. Las poblaciones silvestres que crecen dentro de los cultivos (agrestales) suelen adquirir caracteres domesticados, que les permiten aumentar su invasividad, diferenciándose de las poblaciones que crecen fuera de lotes cultivados (ruderales). El objetivo de este trabajo fue comparar el grado de autocompatibilidad presente en poblaciones *Brassica rapa* (BR) y *Raphanus sativus* (RS) halladas en ambientes ruderales y agrestales. Se criaron en jardín común 10 poblaciones de RS y BR colectadas en ambientes agrestales (AG) y ruderales (RU), junto con el cultivo *B. napus* (BN). Se taparon N:5-10 plantas con malla antiáfido previo al momento de floración, dejando individuos sin cubrir a modo de control junto con el cultivo. Se determinaron el número y tamaño de silicuas, el número de semillas por silicua y el P1000. Los biotipos de BR y RS bajo tratamiento desarrollaron menor número y tamaño de silicuas y número de semillas por silicua. Sólo una población de BR se comportó diferente mostrando un P1000 mayor bajo tratamiento: 1,81 g vs. control: 1,46 g. Esto podría deberse a que el aislamiento de las silicuas promovió la redistribución de los recursos a unas pocas semillas. No hubo diferencias significativas entre biotipos RU y AG en ambas especies, la autoincompatibilidad de *B. rapa* y *R. sativus* no ha sido modificada en los ambientes agrestales.

GPE 24

ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Stylosanthes hippocampoides* (FABACEAE) POSTERIOR A INCENDIOS ACAECIDOS EN CORRIENTES

Arcangeli J.B., G.I. Lavia, M.C. Silvestri. Instituto de Botánica del Nordeste, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste - CONICET, Corrientes, Argentina. E-mail: julietabarc@gmail.com

Stylosanthes hippocampoides Mohlenbr. (Fabaceae) tiene importancia como especie forrajera nativa en el Nordeste Argentino. Durante los años 2020 a 2022 en la provincia de Corrientes han ocurrido incendios recurrentes, los cuales se extendieron sobre parte de la distribución de la especie. Con el objetivo de evaluar la variabilidad genética de poblaciones de *S. hippocampoides* posterior a los incendios, se seleccionó una población localizada en un sitio donde ocurrieron incendios (ASI), y otra proveniente de la Reserva Natural Privada Paraje Tres Cerros (TC), la cual no fue afectada por los mismos. Se constató la geolocalización de estas poblaciones con los focos de incendios de las imágenes satelitales de la base FIRMS, se coleccionó germoplasma de 11 (ASI) y 10 (TC) individuos, y se evaluó la variabilidad genética intra e inter poblacional utilizando ocho marcadores moleculares ISSR. El AMOVA mostró que la variación fue mayor entre las poblaciones (52%) que dentro de ellas (4,8%). Los análisis de estructuración PCoA y STRUCTURE separaron a las dos poblaciones. Los parámetros de diversidad evaluados indicaron que la población ASI (Heterocigosis esperada -He-: 0,13; Porcentaje de Loci Polimórficos -PLP-: 40,57%; Índice de Shannon -I-: 0,19) presentó menor variabilidad genética que TC (He: 0,15; PLP: 48,11%; I: 0,24). Los índices de diversidad obtenidos fueron similares a los encontrados en evaluaciones previas del 2016. Estos resultados se consideran preliminares hasta completar los análisis comparativos entre las evaluaciones 2016 vs. 2022 de cada población.