

(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
juliodavina@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
mariair@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.unicen.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@imibice.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

GV 5

RESISTENCIA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Helianthus annuus* NATURALIZADAS EN ARGENTINA A *Plasmopara halstedii*, EL AGENTE CAUSAL DEL MILDIU DE GIRASOL

Martínez A.L.¹, F. Anderson², A. Garayalde³, P. Sabatini¹, A. Presotto^{1,2}, A. Gutiérrez^{2,4}, F. Hernández^{1,2}, C. Pandolfo^{1,2}, M.S. Ureta^{1,2}, A.D. Carrera^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS)-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ³Departamento de Matemática, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. E-mail: acarrera@criba.edu.ar

El mildiu de girasol causado por *Plasmopara halstedii* es una enfermedad de importancia mundial, mayormente controlada por genes de resistencia vertical obtenidos de especies silvestres anuales de *Helianthus*, nativas de Estados Unidos. El objetivo fue caracterizar la respuesta de seis poblaciones locales naturalizadas de *H. annuus* a la infección por la raza 710 de *P. halstedii*. Se analizaron 80 individuos por población. Se estudió: 1) grado de esporulación en parte aérea aplicando tres índices con diferentes escalas, 2) la presencia del patógeno en secciones del hipocótilo, 3) la presencia de esporas en raíz. Las poblaciones locales mostraron amplia diversidad de daño y niveles de enfermedad significativamente menores que los controles cultivados susceptibles. Se encontraron reacciones a nivel celular (necrosis, depósito de materiales), identificándose dos tipos de resistencia: i) el patógeno queda restringido a la base del hipocótilo y ii) el patógeno logra avanzar hasta la parte superior del hipocótilo sin esporular. En todas las poblaciones se identificaron plántulas resistentes a la raza 710, con ausencia de esporulación. La distribución de los grados de daño sugiere una resistencia de tipo horizontal, que puede combinarse con genes mayores para prolongar la durabilidad de la resistencia ante la evolución del patógeno. Se propone una nueva escala de daño e índice (seis grados, incluyendo plántulas muertas) para la evaluación de germoplasma silvestre. El estudio representa la primera caracterización de *H. annuus* naturalizado en Argentina ante infección por *P. halstedii*.

GV 6

ESTUDIO DE LA COMPATIBILIDAD ENTRE UNA POBLACIÓN DE *Solanum chacoense* DEL SE BONAERENSE Y LA PAPA COMÚN

Maune J.F., M.D.L.M. Echeverría. Facultad Ciencias Agrarias, UNMdP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: federicomane@mdp.edu.ar

La papa común, *Solanum tuberosum* L. ($2n=4x=48$) (*tbr*), es uno de los cultivos de mayor importancia mundial en cuanto a superficie cultivada. Debido a su estrecha base genética, es de especial interés la introgresión de genes de especies silvestres mediante cruzamientos controlados. En este marco, se estudió una población espontánea de papa silvestre, morfológicamente afín a *S. chacoense* Bitter ($2n=2x=24$) (*chc*), que crecía como maleza en un lote de la EEA INTA Balcarce, y que presentaba características de interés agronómico y genotipos con alta producción de granos de polen con el número cromosómico no reducido ($2n$). Para estudiar su habilidad para cruzarse con *tbr*, se realizaron cruzamientos controlados entre diez genotipos de *chc* seleccionados por tener alta producción de gametos " $2n$ " (entre 3,25% y 12,13%) y cinco cultivares comerciales de *tbr*. Se obtuvieron pistilos polinizados de dichos cruzamientos para la observación de la compatibilidad polen-pistilo. De 70 cruzamientos llevados a cabo, se obtuvieron semillas en tres, en dos de los cuales *chc* actuó como progenitor femenino. Entre los cruzamientos sin semilla, se observó tanto incompatibilidad a distintos niveles del pistilo como compatibilidad en el pistilo. Si bien en la población *chc* estudiada existen genotipos que pueden ser usados para introgresar genes en *tbr*, queda por estudiar la viabilidad de las semillas obtenidas así como las barreras a la hibridación presentes entre dichas poblaciones.