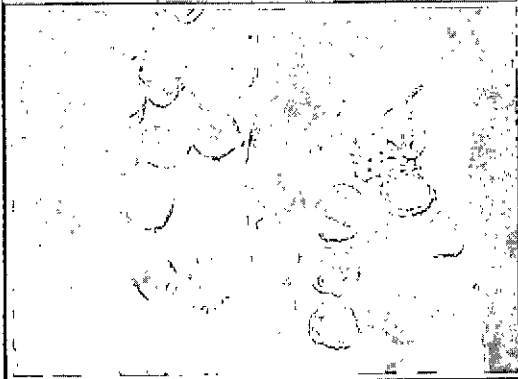


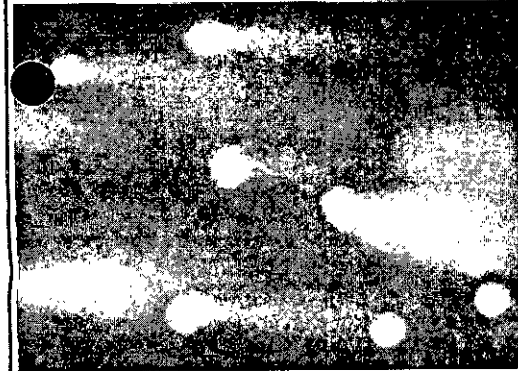
Journal of Basic & Applied Genetics (Formerly MENDELIANA)

JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA



Proceedings

XVII LATIN AMERICAN CONGRESS OF GENETICS
IV CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYANA DE GENÉTICA
XLIX ANNUAL MEETING OF THE GENETICS SOCIETY OF CHILE
XLV ARGENTINE CONGRESS OF GENETICS



Actas

XVI CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
IV CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYANA DE GENÉTICA
XLIX REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD GENÉTICA DE CHILE
XLV CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA



Cited by

BIOLOGICAL ABSTRACTS
GENETICS ABSTRACTS
SISTEMA LATINDEX
THOMSON REUTERS
SCOPUS

Included in Scielo



BUENOS AIRES - ARGENTINA

ACTAS

**XVI CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
IV CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA
XLIX REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE
XLV CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA**

9 al 12 de octubre de 2016
Hotel Radisson
MONTEVIDEO - URUGUAY



www.sag.org.ar/sitio/wp-content/uploads/2015/10/volxxvii_Issue_1_2016_Agosto2016.pdf



BIBLO: Reg. 8749-8752

GMA 17

CARACTERIZACIÓN GÉNICA DEL GEN IGF-1 EN BOVINOS HOLANDO EN URUGUAY

Nicolini P.¹, M. Carriquiry², F. Peñagaricano², A. Meikle¹.
¹Laboratorio de Técnicas Nucleares, Facultad de Veterinaria, UdelaR, Montevideo, Uruguay. ²Departamento de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay.
 Email: paula.nicolini@gmail.com

El gen *IGF-1* es candidato para la identificación de polimorfismos potencialmente asociados al desempeño productivo y reproductivo en bovinos. Se realizó la caracterización del gen *IGF-1* para un SNP (transición T/C) en la región promotora del gen en vacas Holando (n= 1311) de 7 tambos comerciales. El genotipado se realizó mediante PCR-HRM tiempo real y los resultados fueron analizados con el programa PopGene32 v1.31. Para todos los tambos el alelo A (TT) (0,54-0,66) y el genotipo AB (0,42-0,52) fueron más frecuentes en relación con el alelo B (CC) (0,34-0,46) y los genotipos AA (0,28-0,41) y BB (0,08-0,20), respectivamente. Se observó baja estructuración en la población global (FST global= 0,0054, P= 0,03), debida a diferencias en la distribución de las frecuencias alélicas entre los tambos T2 y T3 comparados entre sí (FST= 0,017, P= 0,0003) y con el resto de los tambos (considerados estos últimos como una sola muestra (T8); T2 vs. T8: FST= 0,004, P= 0,03; T3 vs. T8: FST= 0,005, P= 0,01). Esto es consistente con distancias genéticas levemente mayores observadas cuando se comparan los tambos T2 y T3 entre sí (dNei= 0,03, identidad 97%) y con el resto de los tambos (dNei= 0,01 e identidad 99 % para T2 vs. T8 y T3 vs. T8), respecto a las distancias observadas entre el resto de los tambos entre sí (dNei, rango 0-0,003, identidad rango 99,7 al 100%). Las frecuencias alélicas estuvieron en desequilibrio solo en el tambo T3 (P= 0,04), debido a un exceso de heterocigotas (Ho= 0,51 > He= 0,45, FIS= -0,15).

GMA 18

DETECCIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL PROMOTOR DEL GEN *WDTC1* EN PORCINOS

Fassa V.B.¹, G.B. Pinto¹, M.M. Motter¹, L.A. Soria¹, A. Schor², M.R. Lloveras³, G. Marrube¹. ¹Área de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires. ²Cátedra de Bovinos de Carne, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. ³I.N.T.A. E.E.A. Pergamino, Argentina.
 Email: gmarrube@fvvet.uba.ar

La disminución del espesor de grasa dorsal y el contenido de tejido magro en el cerdo son dos importantes objetivos de selección en los planes de mejoramiento porcino. El gen *WDTC1* (*WD and tetratricopeptide repeats 1*) tiene una función anti adipogénica ya que inhibe la actividad transcripcional de *PPARγ* mediante la remodelación de la cromatina por HDAC3. Se han descrito, en dicho gen, varios posibles sitios de unión para factores de transcripción en la raza Meishan. El objetivo de este trabajo fue analizar la secuencia nucleotídica de la región promotora del gen *WDTC1* en cerdos de tres razas (Landrace, Yorkshire y Chetapuy) en Argentina con el propósito de identificar mutaciones que puedan tener efecto sobre la expresión del mismo. Se amplificaron y secuenciaron 1.377 pb (entre 78037075-78038452 de la secuencia NC_010448.3, Sscrofa 10.2). Se detectaron los SNPs: G/A (78037118) y A/T (78037139) en potencial sitio MEF2 en la raza Landrace, sustitución T/C (78037617) asociado a STAT en Landrace y Chetapuy, además en las tres razas se hallaron: In/Del A (78037612), el SNP T/C (78037617) asociado a KLF-1 y la sustitución G/T (78037855) asociado a NF-KB. Estos resultados sugieren que existen polimorfismos que podrían modular la expresión de *WDTC1*, lo cual sería útil de evaluar mediante un estudio de asociación con características productivas de importancia económica en cerdos en Argentina.



MV 3

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE AGROPIRO ALARGADO CON DIFERENTE RESPUESTA A SALINIDAD

Maciel M.A.^{1,2}, M.L. Acuña^{2,3}, V. Decker³, A.N. Andrés^{2,3}, S. Pistorale^{2,4}. ¹CONICET CIT-NOBA. ²Universidad Nacional Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA). ³INTA EEA Pergamino. ⁴Universidad Nacional de Luján (UNLu).
Email: mamaciel@comunidad.unnoba.edu.ar

Agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum*) es una de las forrajeras con mayor potencial productivo en ambientes marginales, caracterizados por suelos salinos. El estudio de la variabilidad genética (VG) del germoplasma se puede realizar mediante caracteres morfo-fisiológicos y/o marcadores moleculares, asistiendo así a los programas de mejoramiento. Los objetivos fueron: (i) caracterizar la VG a nivel molecular de tres familias de medio-hermanos (FMH) de agropiro alargado con diferente respuesta a salinidad; y (ii) realizar la puesta a punto de la técnica de microsatélites (SSR) en la especie. Las FMH fueron seleccionadas por su comportamiento a salinidad (tolerante, intermedio, susceptible) en estudios previos donde se evaluó el crecimiento de 12 FMH en condiciones semi-controladas de hidroponía y suelo salino. Se analizaron 20 individuos/FMH con cuatro SSR transferidos de otras poáceas (*Triticum aestivum* y *Schedonorus phoenix*). Los resultados demostraron que la VG analizada mediante el contenido de información polimórfica (PIC) en los SSR varió de 0,280 a 0,354 y entre las FMH de 0,239 a 0,361. El AMOVA fue significativo dentro de FMH ($p = 0,04$), pero no entre FMH ($p = 0,06$). Asimismo se logró desarrollar la puesta a punto de la técnica de SSR transferidos a agropiro alargado desde las especies mencionadas. Si bien estos resultados son preliminares ya que demuestran VG dentro de las FMH analizadas, además de capacidad discriminatoria de los SSR utilizados, sería conveniente incorporar mayor número de SSR polimórficos para realizar una caracterización de la VG más eficiente.

MV 4

IDENTIFICACIÓN DE POTENCIALES GRUPOS HETERÓTICOS EN EL GERMOPLASMA TETRAPLOIDE DE *Paspalum notatum*

Marcón F.¹, E.J. Martínez¹, C.A. Acuña¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste.
Email: caalac77@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea nativa del continente americano. Esta especie posee un citotipo tetraploide de reproducción apomítica que podría ser utilizado como modelo para predecir la heterosis en el mejoramiento de especies apomíticas. Existen evidencias de que la distancia genética entre progenitores está relacionada con la ocurrencia de heterosis en la progenie. El objetivo de este trabajo fue identificar grupos de genotipos tetraploides sexuales y apomíticos de *P. notatum* con distancias genéticas diversas. Para ello, un grupo de 49 genotipos tetraploides sexuales y apomíticos de *P. notatum* y un genotipo apomítico de *P. cromoerhizon* han sido utilizados. Se emplearon marcadores moleculares del tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) e ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) para la detección de los polimorfismos moleculares. Con los datos moleculares se estimaron las distancias genéticas a partir del índice de disimilitud de Jaccard (1-S). Un total de 116 y 146 marcadores polimórficos fueron generados a partir de los SSRs e ISSRs, respectivamente. Las distancias fueron similares con ambos marcadores y variaron entre 0,27 y 0,81. Esta amplia variabilidad nos permitió definir cuatro grupos de cruzamientos, tres de ellos entre genotipos sexuales y apomíticos de *P. notatum*, con distancia genética baja (0,27-0,38), intermedia (0,45-0,55) y alta (0,6-0,74), y un cruzamiento interespecífico con *P. cromoerhizon* (0,81), para así poder identificar potenciales grupos heteróticos en la progenie resultante.



ESTACION EXPERIMENTAL
AGROPECUARIA PERGAMINO
CENTRO DOCUMENTAL

MV 7

**CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE
POBLACIONES DE FESTUCA ALTA
[*Schedonorus phoenix* (SCOP.) HOLUB]
ADAPTADAS A SUELOS CON LIMITANTES
FÍSICO- QUÍMICAS**

Martínez E.S.¹, P. Rimieri², ¹EEA Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina.
Email: martinez.emilce@inta.gob.ar

Actualmente la ganadería vacuna de carne se desarrolla en suelos con restricciones físico-químicas. Hay evidencias que la emblemática población de festuca alta *El Palenque MAG*, de base genética amplia, se adapta a tales ambientes. *Brava INTA*, cultivar sintético derivado de aquél, de base genética estrecha y de mejor valor nutritivo, presenta buen comportamiento en esos ambientes limitantes en el establecimiento La Catalina de Bolívar, Buenos Aires, Argentina, desde 2008. Otros dos cultivares del mismo origen, *Baguala* y *Luján INTA*, de base genética amplia e intermedia, respectivamente, completan las tres poblaciones evaluadas con el objetivo de caracterizar fenotipos adaptados de los tres cultivares. Las tres poblaciones fueron sembradas entre 2008 y 2011 en lotes con suelos overos con salinidad temporaria y con limitantes físicas. En los fenotipos se evaluaron las siguientes características: superficie de la lámina, altura de planta, hábito de crecimiento, días a floración y producción de forraje. Si bien las tres poblaciones produjeron entre 4 y 7 mil kg MS ha⁻¹ se observaron diferencias fenotípicas entre las poblaciones para los caracteres evaluados. Se identificaron 23 fenotipos, que serán la base de nuevos cultivares a evaluar en un segundo ciclo de selección en esos ambientes de suelos alcalinos con pH > 8, Conductividad Eléctrica baja (<2) y salinidad temporaria, N (Nitratos) 4,7-5,3 mg kg⁻¹, S (SO₄) 0,7-1,3 mg kg⁻¹, Pe 5,2-5,5 mg kg⁻¹ con anegamientos, inundaciones y sequías temporarias registradas desde 2008 en *Brava INTA* y desde 2011 en *Baguala* y *Luján INTA*.

MV 8

**TRANSFIRIENDO COMBINACIONES
DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA
DE TALLO A BACKGROUND DE TRIGO
ADAPTADO AL URUGUAY**

Baráibar S.¹, P. Silva¹, C. Pritsch², S. Germán¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Est. Exp. La Estanzuela, Ruta 50 km 11,5, Colonia, Uruguay. ²Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Depto. Biología Vegetal, Montevideo, Uruguay.
Email: sbaraiibar@inia.org.uy

La roya de tallo del trigo (*Puccinia graminis f. sp. tritici*) fue considerada la roya más destructiva en Uruguay. Los genes más importantes que confieren resistencia en los cultivares a nivel regional y mundial son el *Sr24* y *Sr31*. En 1998 fue detectada en Uganda una nueva raza (Ug99) que junto con once de su linaje son virulentas sobre los genes *Sr24* y/o *Sr31*, y al 90 % de los cultivares comerciales del mundo. Los genes de resistencia *Sr26*, *Sr32* o *Sr39* son efectivos a estas razas. El objetivo del trabajo fue piramidar estos genes de resistencia mayores, de naturaleza raza-específicos, en germoplasma nacional adaptado de manera de obtener materiales con resistencia más duradera que si se utilizaran individualmente. Se realizaron cruzamientos entre las líneas mencionadas para obtener líneas con combinaciones de pares de genes. A partir de la F₁ se implementó un programa de retrocruzamientos, utilizando como padres recurrentes los cultivares adaptados LE2375 y LE2387. Se ajustaron los protocolos de PCR para marcadores de los tres genes de resistencia y se realizó la selección asistida de plantas R_CF₁. Se identificaron ocho líneas con *Sr26* y *Sr32*, 2 líneas con *Sr26* y *Sr39* y 23 líneas con *Sr32* y *Sr39*. Partiendo de estas líneas se realizará un segundo ciclo de retrocruzamientos, seguido de una autofecundación y se seleccionarán líneas homocigotas para pares de genes de resistencia que poseerán un 87,5% del *background* adaptado al finalizar el trabajo.



MV 23

UTILIZACIÓN DE POBLACIONES NATIVAS DE LA REPÚBLICA ARGENTINA COMO FUENTE DE PRECOCIDAD EN MAÍZ

Solmi A.¹, R. Defacio^{2,3}, N. Salvi³, R.D. Lorea^{2,3}. ¹Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Bs. As. ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Bs. As. ³Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Bs As.
Email: lorea.roberto@inta.gov.ar

Una estrategia posible en la región pampeana Argentina para disminuir el monocultivo de soja y aumentar la sustentabilidad, es la implementación de secuencias de cultivos múltiples (maíz/soja) en un mismo ciclo agrícola, para ello se debe contar con maíces de ciclo ultraprecoz. Así, evaluamos 6 poblaciones nativas de maíz (del sur de Argentina) y sus cruzamientos con 2 líneas precoces (LP29 y LP214) en un ensayo dialélico parcial. Se realizaron 2 ensayos (2014/15 y 2015/16) en fechas de siembras tempranas utilizando un diseño DCBA con dos repeticiones. Las variables evaluadas fueron tiempo térmico a antesis (A), floración femenina (R1), madurez fisiológica (MF), período de llenado de granos (R1-MF), sincronía floral (ASI) y rendimiento en grano (REND). Se realizaron análisis de variancia y test de comparación de medias. Se aplicó la metodología de Dudley para determinar la frecuencia de alelos favorables y la estrategia de utilización. Se realizó un análisis dialélico parcial para determinar la aptitud combinatoria general y específica. Los resultados indican que las poblaciones aportan precocidad (R1 y MF) y permiten aumentar R1-MF, pero no permiten mejorar el REND. Se detectaron efectos aditivos y no aditivos en la mayoría de las variables, pero para precocidad los efectos más importantes fueron aditivos. Se detectaron alelos favorables en las poblaciones ARZM21006 y ARZM19010 para mejorar la precocidad de LP29 y LP214 respectivamente, pero el comportamiento para rendimiento implica generar poblaciones de mejora con sólo un 25 % de población nativa.



MV 24

GENOME WIDE ASSOCIATION (GWAS) DISCOVERS RICE GRAIN QUALITY GENES IN THE STARCH METABOLISM, GRAIN SIZE AND CELL WALL SYNTHESIS PATHWAYS

Quero G.¹, L. Gutiérrez², S. Fernández³, P. Blanco³, F. Pérez de Vida³, S. Garaycochea⁴, E. Monteverde⁴, S. McCouch⁴, J. Rosas⁵, N. Berberian⁵, S. Simondis⁶, V. Bonnacarrère³. ¹Department of Plant Biology, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ²Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, USA. ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ⁴Department of Plant Breeding and Genetics, Cornell University, Ithaca, USA. ⁵Department of Statistics, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ⁶Mathematics Area, College of Natural and Exact Sciences, Universidad Nacional de Cuyo (FCEN-UNCuyo), Mendoza, Argentina.
Email: vbonnacarrere@inia.org.uy

Rice is one of the most important staple foods in the world. There has recently been a shift in consumer demand for higher grain quality. Therefore, understanding the genetic basis of grain quality in rice is key to produce rice in a sustainable manner. The main objective of this work was to identify the genomic regions associated to grain quality in rice. We used a large GWAS panel of rice composed of 637 elite rice lines from the indica and tropical japonica rice breeding programs. Lines were genotyped with GBS to obtain 92 K SNPs for indica and 45 K SNPs for tropical japonica. Elite lines were phenotyped in three years and evaluated for three key grain quality properties: percentage of total milled rice after milling (YAM), percentage of head rice recovery (PHR), and the weight of chalky grains (GC). GWAS was conducted using mixed models. After quantitative trait loci (QTL) identification, a candidate gene approach using genome annotation for credible biological function was performed. This strategy allowed us to understand the genetic basis of rice grain quality, identifying genes and markers readily available for deployment in breeding programs. We identified genes associated to starch metabolism, cell wall synthesis and grain size. Furthermore, we detected a variation of the OsSPL16 gene that has been proven to be associated to grain size, shape and quality in rice. This shows how a thorough approach to GWAS and gene annotation in a large structured rice breeding population could lead to causative variants readily available in breeding programs.