

(Formerly MENDELIANA)



September 2026

Volume XXXVII

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

BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXVII - No. 1 (suppl.)

September 2026



BAG - Journal of Basic and
Applied Genetics

Not yet assigned
quartile

SJR 2022

0



powered by scimagojr.com

Editorial Board

Comité Editorial

Editor General:

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

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
julordavina@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
mariar@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 Genético Animal

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@imbice.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

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

V Jornadas Regionales de Genética

Diseño y maquetación

Lic. Mauro Salerno

maurosalerano92@gmail.com

Imagen de tapa:

Guri INTA CL, un arroz bien entrerriano

© José Colazo.

Comité Organizador

Dra. Mariana Lagadari

Instituto de Ciencias y Tecnologías de Alimentos (CONICET-UNER) – Universidad Nacional de Entre Ríos

Dra. María Andrea Tomás

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET). Universidad Nacional de Rafaela

Dra. Viviana Rodriguez

Instituto de Ciencias y Tecnologías de Alimentos (CONICET-UNER) – Universidad Nacional de Entre Ríos

Dra. María Inés Oyarzabal

Centro de Investigación con Animales de Laboratorio (CIPREB) – Facultad de Cs. Veterinarias – Universidad Nacional de Rosario

Dra. Milba Vera

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET)

Dr. Guillermo Pratta

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR – CONICET – UNR). Universidad Nacional de Rosario

Dr. Gustavo Rodriguez

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR – CONICET – UNR). Universidad Nacional de Rosario

Dr. German Perez

Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF). Universidad Nacional de Rosario. DETx MOL

Lic. (M. Sc.) Jose Colazo.

EEA Concepción del Uruguay – INTA

Ing. Agr. (M. Sc.) Alejo Ré

EEA Concepción del Uruguay – INTA

Comité Científico

Dra. María Florencia Eberhardt

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET). Universidad Nacional de Rafaela

Med (Esp.) María Ines Echeverría

Especialista en Genética Médica

Dra. María Inés Oyarzabal

Centro de Investigación con Animales de Laboratorio (CIPREB) – Facultad de Cs. Veterinarias – Universidad Nacional de Rosario

Dr. Guillermo Pratta

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR – CONICET – UNR). Universidad Nacional de Rosario

Dr. Gustavo Rodriguez

Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR – CONICET – UNR). Universidad Nacional de Rosario

Dra. Milba Vera

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET)

Ing. Agr. (M. Sc.) Ezequiel Grassi

Facultad de Agronomía y Veterinaria. Universidad Nacional de Río Cuarto

Dra. María Soledad Ureta

Instituto de Recursos Naturales de la Zona Semiarida (CERZOS CONICET). Universidad Nacional del Sur

Dra. María Andrea Tomás

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET). Universidad Nacional de Rafaela

V Jornadas Regionales de Genética

organizadas por la **Regional Litoral de la Sociedad Argentina de Genética**



**17 y 18 de
septiembre de
2026**

Sede

Facultad de Cs de la Alimentación, Universidad
Nacional de Entre Ríos.
(Av. Mons. Tavella 1450, Concordia, Entre Ríos)



SAG

**Sociedad
Argentina
de Genética**

Auspiciantes



11	CONFERENCIA PLENARIA	
15	SIMPOSIOS	
27	MESA REDONDA	
31	COMUNICACIONES LIBRES	
31	GMV. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL	
47	GMA. GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL	
51	GEDU. GENÉTICA Y EDUCACIÓN	

CONFERENCIA PLENARIA

PLENARY LECTURE

Conferencia Plenaria

BIOPROSPECCIÓN DE *Eugenia myrcianthes* “ubajay”, FRUTAL NATIVO DEL LITORAL ARGENTINO

Arena M.E., I.S. Povilonis, S. Radice. Laboratorio de Fisiología Vegetal. Instituto de Ciencias de la Vida, Universidad de Morón, CONICET. Morón, Buenos Aires, Argentina. miriamearena@gmail.com; ipovilonis@unimoron.edu.ar

Eugenia myrcianthes “ubajay”, Myrtaceae que crece de forma espontánea en los bosques ribereños del Litoral argentino, es un caso paradigmático: su fruto fue incorporado formalmente como fruta comestible al Código Alimentario Argentino en 2025 y, aun así, permanece sin cultivar y sin planes formales de conservación, pre-mejoramiento y domesticación. El objetivo de este trabajo fue realizar la bioprospección fenológica, morfológica y química de los botones florales y frutos obtenidos durante tres estaciones de crecimiento (2019, 2021 y 2022). Se eligieron 3 poblaciones localizadas en la provincia de Entre Ríos: Concordia, Parque Nacional El Palmar y Gualeguaychú. El fruto exhibió elevados contenidos de compuestos bioactivos con actividad antioxidante potencialmente beneficiosa para la salud humana. El estudio postcosecha confirmó su comportamiento climatérico y demostró que tolera el almacenamiento en frío, prolongando moderadamente su vida útil sin deterioro significativo de sus atributos fisicoquímicos. El análisis de la variabilidad de caracteres reproductivos, físicos y químicos permitió identificar fenotipos con atributos superiores, esenciales para futuras etapas de selección y domesticación. La bioprospección de *E. myrcianthes* posiciona a esta especie como una alternativa productiva promisoría para las regiones Centro y Litoral de Argentina, al favorecer la conservación y el aprovechamiento sostenible de los recursos fitogenéticos nativos y promover el desarrollo de productos innovadores con identidad regional que contribuyan a la soberanía y la seguridad alimentaria.

SIMPOSIOS

SYMPOSIA

SIMPOSIO

BASES Y APLICACIONES DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO EN PRODUCCIONES DE LA PROVINCIA DE ENTRE RÍOS

Coordinadora: Maria Andrea Tomás. Instituto de Investigaciones de la Cadena Láctea (INTA-CONICET), Facultad de Tecnologías e Innovación para el Desarrollo, Universidad Nacional de Rafaela. tomas.maria@inta.gob.ar, mandrea.tomas@unraf.edu.ar

El mejoramiento genético constituye una herramienta estratégica para responder a demandas productivas, sanitarias y ambientales de Entre Ríos. Las instituciones de ciencia y tecnología de la región generan conocimiento que contribuye al desarrollo tecnológico provincial. En particular, las estaciones experimentales del INTA estudian la base genética de cultivos estratégicos y contribuyen al desarrollo de nuevas tecnologías para la obtención de cultivares. En este simposio se presentan avances en el mejoramiento genético de tres cultivos de importancia regional, que reflejan la evolución de los programas del INTA desde estrategias convencionales de selección e hibridación hacia esquemas que integran diversas fuentes de variabilidad genética, herramientas biotecnológicas y métodos de selección más eficientes. En cítricos, se combinan hibridación, evaluación agronómica y sanitaria con marcadores moleculares, cultivo *in vitro*, mutagénesis y citometría de flujo. En eucaliptos, la selección recurrente, la incorporación de germoplasma y el desarrollo de híbridos interespecíficos han permitido mejorar la adaptación y productividad, incorporándose actualmente la selección genómica para acelerar el progreso genético. En arroz, el mejoramiento se orientó a resolver desafíos productivos y comerciales mediante cultivares de alto rendimiento y calidad, junto con nuevas fuentes de resistencia a herbicidas y enfermedades y una efectiva transferencia al sector productivo. En conjunto, estos casos ponen en evidencia el rol estratégico del mejoramiento genético en el desarrollo productivo y tecnológico de la región.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CÍTRICOS: ESTRATEGIAS Y HERRAMIENTAS ACTUALES

Miguel F. Garavello. Estación Experimental Agropecuaria Concordia, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). garavello.miguel@inta.gob.ar

La citricultura constituye una de las principales economías regionales de la Argentina, con una marcada concentración de la producción de naranjas y mandarinas en el noreste del país. La Estación Experimental Agropecuaria Concordia del INTA desarrolla desde hace décadas un programa de mejoramiento genético orientado a la obtención de nuevas variedades y portainjertos adaptados a las demandas productivas, sanitarias y comerciales actuales. Los principales objetivos incluyen: mejora de la calidad de fruta, tolerancia a enfermedades, adaptación a condiciones ambientales cambiantes y desarrollo de materiales con características diferenciales que incrementen la competitividad del sector. El programa integra metodologías tradicionales de mejoramiento, como hibridación dirigida y evaluación agronómica a largo plazo, con herramientas biotecnológicas que permiten aumentar la eficiencia del proceso de selección tales como: cultivo *in vitro* para rescate y multiplicación de materiales, empleo de marcadores moleculares para la identificación temprana de caracteres de interés e inducción de mutaciones mediante agentes físicos como fuente adicional de variabilidad genética. La reciente incorporación de citometría de flujo posibilita la detección temprana de cambios en el nivel de ploidía y otras características celulares de interés, optimizando la selección de genotipos promisorios. La selección temprana de individuos con alto potencial reduce significativamente el tiempo y los costos asociados a la evaluación de grandes poblaciones en campo. Los materiales seleccionados son luego sometidos a un riguroso seguimiento agronómico, sanitario y de calidad de fruta, asegurando que las nuevas selecciones respondan a las necesidades presentes y futuras de la citricultura argentina.

PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE EUCALIPTOS PARA EL LITORAL ARGENTINO

Leonel Harrand, G.P. Javier Oberschelp, Carla S. Salto. Estación Experimental Agropecuaria Concordia, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). harrand.leonel@inta.gob.ar

Luego del pino, el *Eucalyptus* es el principal género forestal de cultivo en Argentina, siendo *E. grandis* la latifoliada más implantada comercialmente. Para garantizar una buena producción regional, las forestaciones requieren material (semillas y clones) de calidad genética certificada. Al respecto, el Programa de Mejoramiento Genético Forestal de *E. grandis* del INTA se inició en la década de 1980 con el objetivo de generar poblaciones superiores en características cuantitativas y cualitativas. La estrategia de mejora se basa en la selección recurrente por habilidad de combinación general, y las principales características favorecidas son: vigor, forma, aspectos sanitarios y algunas propiedades de calidad de la madera. Sus comienzos partieron de poblaciones locales de origen desconocido, para luego incorporar germoplasma silvestre de las mejores procedencias australianas (sudeste de Queensland y New South Wales). Posteriormente, se sumaron poblaciones del noreste de Queensland y colecciones de programas de mejoramiento de otros países. Con el fin de superar limitantes intrínsecas de la especie (susceptibilidad a fríos), y ampliar la frontera forestal, se evaluaron especies alternativas y se desarrollaron híbridos interespecíficos. Hoy en día, el sector cuenta con huertos semilleros que abastecen a los viveristas, clones comerciales de *E. grandis* e híbridos interespecíficos disponibles, y un amplio banco clonal. Esta diversa base asegura el progreso genético futuro del programa. El salto cualitativo estará basado en el uso eficiente de herramientas como la selección genómica, acortando intervalos y mejorando la eficiencia en la selección.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ARROZ

José Colazo J. EEA Concepción del Uruguay INTA, Entre Ríos, Argentina. colazo.jose@inta.gob.ar

El Programa de Mejoramiento Genético de Arroz del INTA Concepción del Uruguay readecuó sus objetivos a fines de los noventa para superar dos limitaciones clave del sector nacional: la baja calidad del grano que impedía captar mercados de alto valor y la severa infestación por arroz rojo. Frente a esto, se definió una estrategia focalizada en desarrollar variedades de alto rendimiento y excelente calidad industrial. El mayor hito fue el desarrollo de la tecnología no transgénica Clearfield®, lanzada en 2005 con el cultivar PUITA INTA CL. Esta innovación permitió recuperar lotes productivos e impactó globalmente: hoy, el 80% del arroz irrigado en Rio Grande do Sul (Brasil) utiliza genética INTA. Asimismo, cultivares como GURÍ INTA CL lideran la adopción regional por su combinación de productividad y calidad, siendo elegido para la primera certificación del sello “Arroz Entrerriano”. El programa ha registrado nueve variedades desde el 2004 y transferido al sector dicha tecnología a través de la articulación público privado con la Fundación PROARROZ. Estudios de la Universidad de Arkansas evalúan el impacto económico del programa en USD 1.926 millones entre 2006 y 2021, con incrementos anuales de 59 kg/ha sin resignar calidad. Actualmente, el INTA aborda nuevos desafíos mediante la incorporación de resistencia genética a *Pyricularia* para reducir el uso de fungicidas, junto con el desarrollo de cultivares con nuevas fuentes de resistencia a herbicidas (Provisia y SUR-15) que garantizarán la sostenibilidad del cultivo frente a las malezas.

SIMPOSIO

**INNOVACIÓN GENÉTICA EN CULTIVOS ESTRATÉGICOS DE LA REGIÓN:
SOJA, COLZA Y ESPECIES FORRAJERAS**

Coordinador: Mauro Lifschitz. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IdiCaL), INTA-CONICET, Rafaela, Santa Fe, Argentina. mauroelif@hotmail.com

El mejoramiento genético constituye una de las herramientas más eficientes para incrementar la productividad, la adaptación y la resiliencia de los sistemas agropecuarios. Este simposio reúne la experiencia de programas de larga trayectoria desarrollados en Entre Ríos. La estrecha articulación entre el sistema científico y el sector semillero ha generado cultivares y germoplasma de alto valor con impacto regional y nacional. A través de estos casos se mostrará cómo, la continuidad de los programas de mejoramiento, la conservación y utilización de los recursos genéticos y la incorporación de herramientas convencionales y moleculares permiten dar respuesta a los desafíos actuales de la producción vegetal. Se presentarán los principales avances logrados en soja, orientados a la resistencia a factores bióticos y abióticos y a la mejora de la calidad del grano; en colza y lino, el desarrollo de materiales de alto rendimiento, estabilidad, calidad industrial y adaptación; y en especies forrajeras, la obtención de cultivares adaptados a la diversidad de ambientes de Entre Ríos, mejorando la producción de forraje, la persistencia y la producción de semilla. En conjunto, las contribuciones del simposio evidencian cómo los programas de mejoramiento de largo plazo, sustentados en la colaboración público-privada, continúan siendo una fuente estratégica de innovación para fortalecer la competitividad y la sostenibilidad de la agricultura argentina.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE SOJA EN INTA

Ignacio G. Vicentin¹, Fernando J. Giménez², Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). ¹Estación Experimental Agropecuaria Paraná, ²Estación Experimental Agropecuaria Bordenave. vicentin.ignacio@inta.gob.ar

El cultivo de soja es uno de los principales del mundo y de la Argentina. Posee granos con un alto contenido de proteína y aceite, con múltiples usos en la alimentación humana y animal, como también en la industria no alimenticia y biocombustibles. El Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), en 1978 inició el programa de mejoramiento genético, siempre vinculado a cooperativas o empresas semilleras para la multiplicación y venta de los cultivares. Su objetivo ha sido el desarrollo de cultivares de buen comportamiento agronómico, adaptados a las distintas zonas sojeras del país y resistentes a las principales enfermedades e insectos plaga como chinches fitófagas y curculiónidos. Adicionalmente, se busca incorporar resistencia genética natural a estrés hídrico, a herbicidas como sulfonilureas y en calidad de grano aumento en el contenido de proteína total y disminución de factores antinutricionales como lipoxigenasas, inhibidores de tripsina y azúcares como rafinosa y estaquiosa. La metodología aplicada luego del cruzamiento es avanzar generaciones mediante el método de semilla única con modificaciones, en ocasiones en contraestación, o con retrocruzas para el apilamiento de genes deseados. La selección de líneas se realiza con evaluación en ensayos de campo, pruebas de laboratorio e invernáculo y con selección con marcadores moleculares. Además, se trabaja bajo convenios para poder introducir tecnologías transgénicas que otorgan resistencia o tolerancia a herbicidas como glifosato, glufosinato de amonio, 2,4d, resistencia a lepidópteros y a sequía.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE COLZA Y LINO EN INTA

Lucrecia Gieco. Estación Experimental Agropecuaria Paraná, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria – Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Entre Ríos. gieco.lucrecia@inta.gob.ar

La colza (*Brassica napus* L.) es el segundo cultivo oleaginoso a nivel mundial, y en Argentina la superficie cultivada se encuentra actualmente en expansión, con una proporción importante de la superficie sembrada en Entre Ríos. El lino oleaginoso (*Linum usitatissimum* L.), en cambio, es un cultivo de nicho en la actualidad, tanto a nivel mundial como en nuestro país, con Entre Ríos como la principal provincia productora. Los programas de mejoramiento genético de colza y lino, con sede en la EEA Paraná de INTA, tienen como objetivo el desarrollo de líneas inéditas de alto rendimiento, buena plasticidad de siembra, resistencia a las principales enfermedades, y con buena calidad de grano (contenido de materia grasa). La variabilidad genética se logra aplicando técnicas convencionales (cruzamientos programados/dirigidos) y no convencionales (inducción de mutaciones). La conducción de las poblaciones segregantes se realiza en condiciones de campo e invernáculo, mediante métodos masal modificado, genealógico o descendencia de semilla única. El germoplasma estabilizado se caracteriza por el comportamiento frente a los principales patógenos, en condiciones normales de cultivo y en invernáculo mediante inoculaciones artificiales. Las líneas experimentales seleccionadas por sus características agronómicas, fenología, resistencia a patógenos y contenido de materia grasa se implantan en ensayos comparativos de rendimiento, en Oro Verde, Pergamino, Barrow y Bordenave. Las creaciones fitogenéticas obtenidas contribuyen a ampliar la oferta nacional y regional de cultivares de colza y lino, que son generados para nuestras condiciones agroambientales.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE ESPECIES FORRAJERAS PARA AMBIENTES DE ENTRE RÍOS

Alejo Esteban Ré. EEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos, Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

La ganadería pastoril es una de las principales actividades agropecuarias de la provincia de Entre Ríos, donde las especies forrajeras utilizadas suelen ser las mismas que se utilizan en otras regiones templadas de Argentina. Sin embargo, las condiciones edafo-climáticas de la provincia y la heterogeneidad de ambientes, hacen que estas especies presenten una adaptabilidad moderada, con producciones variables, lo que limita su potencial productivo y perennidad en el caso de las perennes. Con el objetivo de afrontar esta problemática, la EEA C. del Uruguay de INTA, en conjunto con la EEA Pergamino, trabaja desde hace más de 30 años en el mejoramiento genético de forrajeras, con gran trayectoria en raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam) y, más recientemente en Festuca alta (*Festuca arundinacea*) y trébol de olor (*Melilotus albus*). Al ser estas especies alógamas y autoincompatibles, sus poblaciones presentan una elevada variabilidad, donde el desafío es caracterizar que proporción se debe a efectos aditivos (h^2), para estimar respuesta a la selección en los caracteres de interés (ej. producción de forraje, sanidad, fenología, producción de semilla, etc.). Fruto de este trabajo entre 2008 y 2026, el INTA ha inscripto en el Registro Nacional de Cultivares de INASE nueve cultivares de raigrás anual, los cuales se destacan en la producción de forraje acumulada, excelente sanidad y producción de semilla. Estos cultivares se diferencian en la adaptabilidad a distintos tipos de ambientes, grupo de ploidía (diploides-tetraploides) y fenología (tempranos-intermedios-tardíos) lo que suele asociarse a mayor producción otoño-invernal o invierno-primaveral.

SIMPOSIO

GENES, REINAS Y COLMENAS: MEJORAMIENTO APLICADO A LA APICULTURA

Coordinadora: María Inés Oyarzabal. Facultad de Cs. Veterinarias – UNR. Argentina. mioyar@gmail.com

A nivel nacional, Entre Ríos es la segunda provincia productora y exportadora de miel. Posee, aproximadamente, un millón de colmenas y más de 4.000 productores. La producción se destaca por su diversidad botánica para producir variedades de mieles: de pradera (trébol, alfalfa), citrus (noreste), eucaliptus y montes nativos (algarrobo, ñandubay). Un 80% de la producción se exporta a granel (Unión Europea, América del Norte y Japón). Se producen propóleo, polen, cera, cremas, espray y caramelos de miel, con fuerte presencia de cooperativas. El mejoramiento genético apícola tiene características propias que lo diferencian de otras especies, entre otras, es interesante mencionar que la unidad de selección es la colmena y no el individuo. La búsqueda de resistencia natural de *Apis mellifera* frente a *Varroa destructor* es otro tema de abordaje genético que está ligado directamente a la producción por las pérdidas que ocasiona. En Entre Ríos, el mejoramiento está impulsado por el INTA-PROAPI y productores locales, se enfoca en seleccionar abejas reinas para lograr mayor productividad, mansedumbre y comportamiento higiénico. A nivel sanitario, se estudia la resistencia a *Varroa destructor* como alternativa a la aplicación de acaricidas. Estos temas serán tratados en el simposio, para cerrar con la visión desde la producción apícola desde un establecimiento que produce material certificado por el INTA-PROAPI.

SELECCIÓN DE COLMENAS E INSEMINACIÓN INSTRUMENTAL: LA EXPERIENCIA DE MEGA –PROAPI

Analia N. Martínez. Grupo Apicultura. PROAPI. INTA Balcarce. Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (INTA Balcarce-CONICET). Unidad Integrada Balcarce (INTA-Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP). Balcarce, Buenos Aires, Argentina. martinez.analia@inta.gob.ar

El Programa de Mejoramiento Genético de Abejas del INTA-PROAPI (MeGA), iniciado en 1995, se ha consolidado como un referente nacional en la selección de germoplasma apícola. La selección se orientó hacia caracteres de importancia productiva y sanitaria, como el comportamiento higiénico, el área de cría, la mansedumbre y la capacidad productiva. Para asegurar el progreso genético y la estabilidad de estos caracteres, se implementó un esquema de reproducción mediante inseminación instrumental. Desde 2006, con el objetivo de reducir los riesgos de consanguinidad y preservar la diversidad de alelos sexuales, el programa adoptó un sistema de población cerrada. El protocolo consiste en inseminar cinco hijas de cada reina de la población base utilizando un pool de 10 µL de semen proveniente de zánganos de todas las colonias del núcleo de selección. Anualmente, las reinas son evaluadas bajo los mismos criterios y la hija de mejor desempeño reemplaza a su madre, asegurando la trazabilidad de cada linaje. Este manejo permitió mantener diez orígenes genéticos diferenciados sin incorporar material externo, evitando la depresión por endogamia. Tras más de dos décadas de aplicación, el comportamiento higiénico promedio aumentó del 87 % al 95 %, mientras que el comportamiento defensivo disminuyó de 4,3 a 1,0 aguijones por minuto. Estos resultados demuestran que el sistema de población cerrada permite sostener el progreso genético y estabilizar características productivas y sanitarias de interés en *Apis mellifera*.

BASES GENÉTICAS Y COMPORTAMENTALES DE LA RESISTENCIA A ENFERMEDADES COMO INSUMO PARA EL MEJORAMIENTO APÍCOLA

Alejandra Scannapieco. Instituto de Genética (INTA) – Grupo vinculado al IABIMO (CONICET). Hurlingham, Buenos Aires. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina. scannapieco.a@inta.gob.ar

La parasitosis causada por *Varroa destructor* constituye la principal limitante sanitaria de la apicultura mundial y demanda estrategias de control más sustentables que reduzcan la dependencia de acaricidas. En este simposio se presentarán los principales resultados obtenidos por nuestro grupo de investigación durante los últimos años, orientados a comprender las bases comportamentales y genéticas de la resistencia natural en *Apis mellifera* y su aplicación al mejoramiento apícola. A partir de la evaluación de poblaciones locales se identificaron colonias con elevada capacidad de resistencia, caracterizadas por una mayor expresión del comportamiento de acicalamiento (*grooming*) y otros mecanismos de defensa social asociados con una menor infestación por el ácaro. Sobre estas poblaciones se desarrollaron estudios de selección, caracterización fenotípica y análisis de expresión génica que permitieron identificar genes y vías biológicas potencialmente involucradas en la resistencia, aportando biomarcadores candidatos para la selección asistida. Finalmente, se presentarán los resultados de la evaluación de colonias seleccionadas en condiciones de producción comercial, los cuales evidencian que es posible incrementar la resistencia a *Varroa* sin afectar el desempeño productivo. En conjunto, estos estudios demuestran que la integración de la evaluación comportamental y las herramientas genéticas-genómicas constituyen una estrategia promisorio para desarrollar poblaciones de abejas más resilientes y fortalecer programas de mejoramiento genético orientados a una apicultura más sostenible.

GENÉTICA EN LA PRÁCTICA APÍCOLA: DE LA SELECCIÓN A LA COLMENA PARA PRODUCIR Y MEJORAR

Eladia Weber. Cabaña Apícola Reina Madre. Guardamonte, Prov. Entre Ríos, Argentina. eladiaweber@gmail.com

La Cabaña Apícola Reina Madre, ubicada en Guardamonte, Entre Ríos, se ha consolidado como un referente de la genética apícola. Es el único establecimiento de la provincia que produce material vivo certificado por el INTA-PROAPI. La actividad central es la cría y selección de abejas reinas. Este proceso es altamente tecnificado y se basa en la selección de líneas genéticas que aseguren características deseables para el productor apícola: mansedumbre, comportamiento higiénico y productividad. Uno de los hitos más significativos en la historia de la firma ocurrió en 2018 cuando la cabaña concretó la primera exportación entrerriana de abejas reinas fecundadas con destino a Francia. Este logro, que incluyó el envío de 184 ejemplares, fue posible gracias a la participación en rondas de negocios en la tradicional Expo Maciá, la feria más importante de la región. El evento marcó un “antes y un después” para la empresa, demostrando que la genética argentina es competitiva a nivel mundial. Además, Reina Madre cumple un rol activo en la profesionalización de la apicultura nacional mediante la capacitación, la promoción apícola y el fomento del consumo. La cabaña impulsa la valorización de los productos de la colmena, promoviendo tanto el consumo interno de miel como el agregado de valor en origen. En resumen, la Cabaña Apícola Reina Madre no solo provee insumos genéticos de excelencia para el desarrollo de colmenas más rentables y saludables, sino que también actúa como un motor de innovación y profesionalismo, fomentando el crecimiento sostenible de la apicultura en la Argentina.

SIMPOSIO

ESTRATEGIAS GENÉTICAS EN SISTEMAS AVÍCOLAS: DESAFÍOS Y OPORTUNIDADES

Coordinadora: Milba Marina Vera. Estación Experimental Agropecuaria de Rafaela – INTA. Argentina.
vera.milba@inta.gob.ar

La avicultura constituye uno de los sectores más dinámicos de la producción agroalimentaria regional. Entre Ríos concentra una parte sustancial de la producción nacional de carne aviar y huevos, así como de las actividades de reproducción e industrialización. Sin embargo, la base genética de la producción comercial proviene mayoritariamente de líneas desarrolladas por empresas internacionales, lo que resalta la importancia de los programas de investigación y mejoramiento genético impulsados por instituciones públicas para generar alternativas adaptadas a las condiciones productivas regionales. En este contexto, el simposio tiene como objetivo presentar la evolución del mejoramiento genético avícola y las experiencias desarrolladas en Argentina y Brasil para fortalecer la productividad y la sostenibilidad del sector. Se revisan los principales criterios y herramientas de selección incorporados durante las últimas décadas, incluyendo evaluación fenotípica, genética cuantitativa, tecnologías de medición y herramientas genómicas, junto con programas de cruzamientos y selección de líneas puras destinados al desarrollo de biotipos especializados y de doble propósito. Los resultados evidencian importantes avances en crecimiento, eficiencia alimenticia, rendimiento de carne, calidad de huevo, desempeño reproductivo y resistencia a enfermedades. El desarrollo del Campero Casilda y del Campero Bonaerense INTA representa una alternativa para sistemas productivos diferenciados, mientras que el programa de mejoramiento de Embrapa ha consolidado líneas comerciales de alto valor para Brasil y otros países. En conjunto, estas experiencias demuestran que la innovación en mejoramiento genético es estratégica para una avicultura más eficiente, competitiva y sostenible.

PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE AVES DE EMBRAPA AVES Y PORCINOS DE BRASIL

Elsio Antonio Pereira de Figueiredo. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Concórdia, Estado de Santa Catarina, Brasil. elsio.figueiredo@embrapa.br

A Embrapa Suínos e Aves de Concórdia-SC conduz um programa de melhoramento genético de galinhas de corte e de postura visando desenvolver linhagens de frangos e de poedeiras comerciais. O programa é estruturado em projetos aprovados em editais competitivos com recursos do orçamento da Embrapa e de Acordos de Cooperação Técnica e Financeira-ACTF. O programa é composto por uma granja de melhoramento genético com as linhas puras de frangos corte (TT, KK, PP e GGp) e de galinhas de ovos brancos (CC e DD) e de ovos castanhos (MM, SS e GG), uma granja de matrizes com incubatório, localizadas na Embrapa Suínos e Aves; e uma granja de melhoramento genético de linhas puras da empresa West Aves, localizada em Piratini-RS, povoada com as mesmas linhas puras da Embrapa; e com várias granjas de matrizes e incubatórios localizados em alguns estados brasileiros. Nessas duas granjas de melhoramento genético se pratica seleção nas linhas puras para ganho de peso, eficiência alimentar e rendimento de carne nas linhas de corte, e seleção para produção, peso e qualidade dos ovos nas linhas de postura. Dessas linhas puras de Piratini são produzidas avós e também matrizes dos frangos Embrapa 021-Industrial e Embrapa 041-Colonial e das poedeiras Embrapa 011-ovos brancos e Embrapa 031-ovos castanhos. Também conta com a parceira da empresa Gramado Avicultura para a multiplicação das matrizes da poedeira Embrapa 051-colonial de ovos castanhos. Essas duas empresas atendem o mercado do Brasil com os respectivos ativos licenciados e também de países da América Latina e da África.

Embrapa Aves y Porcinos de Concórdia (Santa Catarina, Brasil) desarrollan un programa de mejoramiento genético de aves de carne y de postura con el objetivo de obtener líneas comerciales de pollos parrilleros y gallinas ponedoras. El programa se organiza en proyectos financiados con recursos propios de Embrapa y de Acuerdos de Cooperación Técnica y Financiera. Comprende una granja de mejoramiento genético con líneas puras de pollos de carne (TT, KK, PP y GGp) y de gallinas ponedoras de huevos blancos (CC y DD) y marrones (MM, SS y GG), así como una granja de reproductores con incubadora, ambas ubicadas en Embrapa. Además, incluye una granja de mejoramiento de la empresa West Aves, en Piratini (Rio Grande do Sul), que trabaja con las mismas líneas puras, y una red de granjas de reproductores e incubadoras distribuidas en distintos estados de Brasil. En ambas granjas de mejoramiento se realiza seleccionando líneas puras por ganancia de peso, eficiencia alimentaria y rendimiento de carne en las líneas de carne, y por producción, peso y calidad del huevo en las líneas de postura. A partir de las líneas puras mantenidas en Piratini se producen las generaciones de abuelos y reproductores de los pollos Embrapa 021-Industrial y Embrapa 041-Colonial, así como de las ponedoras Embrapa 011 (huevos blancos) y Embrapa 031 (huevos marrones). Asimismo, el programa cuenta con la participación de la empresa Gramado Avicultura para la multiplicación de reproductoras de la ponedora Embrapa 051-Colonial de huevos marrones. Estas empresas abastecen al mercado brasileño y también a países de América Latina y África.

GENÉTICA AVÍCOLA EN LA ARGENTINA: ALTERNATIVAS PARA LA PRODUCCIÓN

Zulma Canet, Ramiro Fernández, Ricardo Di Masso. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario. zulmacanet@fcv.unr.edu.ar

La avicultura industrial, debido a la incompatibilidad genética entre crecimiento y reproducción, se especializó en la producción de huevos o carne. Argentina es un importador de genética para ambos destinos productivos. En los últimos años el incremento de productores interesados en la preservación del bienestar animal condujo a la decisión de generar entre la Facultad de Ciencias Veterinarias-UNR e INTA Pergamino, un ave destinada a un nicho particular de mercado. El mejoramiento animal para este tipo de modelo productivo presenta opciones que van desde integrar directamente los híbridos comerciales hasta el diseño de programas independientes destinados a la producción de biotipos especiales como aves doble propósito. Con el objetivo de disponer de una población de este tipo, con adecuados niveles productivos de carne y huevos y rusticidad para ser utilizada en estos sistemas, se implementó un programa de relevamiento del recurso genético disponible y se diseñó un plan de cruzamientos dirigido a la producción de un híbrido terminal de tres vías, el Campero Casilda, cuya evaluación contempló caracteres propios de un ave para carne (patrón de crecimiento, conformación corporal, relación de conversión y caracteres productivos a la faena), como así también de un ave de postura (caracteres productivos a la madurez sexual, patrón dinámico de aumento de peso del huevo y curva de postura), y que permitió definir este híbrido no solo como un producto terminal, sino también como población fundacional de una nueva población sintética doble propósito, el Campero Bonaerense INTA.

SELECCIÓN GENÉTICA EN POLLOS PARRILLEROS: UN VIAJE HACIA LA EFICIENCIA

Fernando Mattioli. Asesor técnico privado. flmattioli@gmail.com

La producción avícola de carne se sustenta en cuatro pilares fundamentales: genética, manejo, nutrición y sanidad, siendo la genética el principal motor del progreso productivo. Esta presentación tiene como objetivo describir la evolución del mejoramiento genético en pollos parrilleros durante las últimas siete décadas y su contribución al incremento de la eficiencia productiva. Se revisan los principales criterios de selección incorporados a lo largo del tiempo y la adopción de nuevas tecnologías de evaluación fenotípica, análisis estadísticos y herramientas genómicas para la identificación de reproductores superiores. La selección evolucionó desde criterios basados exclusivamente en peso y conversión alimenticia hacia un enfoque integral que incluye rendimiento de carne, fertilidad, calidad de los huevos, integridad esquelética, capacidad cardiopulmonar, resistencia a enfermedades, bienestar animal y calidad de carne. Asimismo, se incorporaron técnicas de diagnóstico por imágenes, evaluación molecular, pruebas en ambientes comerciales y criterios de adaptación a diferentes condiciones productivas. Estos avances permitieron duplicar la velocidad de crecimiento, mejorar significativamente la conversión alimenticia, incrementar la eficiencia reproductiva y reducir la incidencia de enfermedades y defectos de origen genético. Se concluye que la integración de la genética cuantitativa, las tecnologías de medición y la genómica continuará impulsando una avicultura más eficiente, rentable y sostenible, cuyo potencial dependerá de su adecuada interacción con el manejo, la nutrición y la sanidad.

MESAS REDONDAS

THEMATIC ROUNDTABLES

MESA REDONDA

MEDICINA DE PRECISIÓN EN GINECOLOGÍA: DEL DIAGNÓSTICO PRENATAL A LA PREVENCIÓN DEL CÁNCER

EL LABORATORIO DE ALTA COMPLEJIDAD EN EL DIAGNÓSTICO Y PREVENCIÓN GINECOLÓGICA

Germán R. Perez. Área Virología de la Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas de la Universidad Nacional de Rosario. Director Técnico en DETx MOL S.A. gperez@fbioyf.unr.edu.ar

El laboratorio de alta complejidad se ha consolidado como el eje tecnológico esencial de la ginecología moderna, impulsando una medicina predictiva, personalizada y de precisión que abarca desde la salud feto-materna hasta la prevención del cáncer. Mediante la integración de herramientas de vanguardia como la secuenciación de nueva generación (NGS), la citogenética molecular y el tamizaje prenatal no invasivo, es posible identificar precozmente anomalías cromosómicas y genéticas en el área prenatal. Asimismo, en el terreno oncológico, tecnologías como el genotipado molecular de los virus papiloma humano (HPV) de alto riesgo oncogénico, los paneles genéticos de susceptibilidad tumoral y la biopsia líquida redefinen el diagnóstico precoz y la estratificación del riesgo en los cánceres ginecológicos. Esta capacidad analítica de alta resolución no solo optimiza la toma de decisiones clínicas e individualiza los tratamientos, sino que destaca la importancia indispensable de una articulación constante y multidisciplinaria entre el laboratorio y la práctica médica.

TROMBOFILIA HEREDITARIA: HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL DIAGNÓSTICO

Mara Jorgelina Ojeda. Área de Hematología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario. Instituto de Fisiología Experimental (IFISE), CONICET-UNR. maraojeda18@gmail.com

El diagnóstico molecular de la trombofilia hereditaria constituye una herramienta clave en la ginecología y obstetricia modernas, permitiendo caracterizar el perfil genético de riesgo trombótico y su impacto en la salud reproductiva. Mediante técnicas de alta complejidad como la PCR en tiempo real y la discriminación alélica, la evaluación sistemática de las variantes del **Factor V Leiden** y de la **Prototrombina 20210AG** permite identificar las principales causas genéticas de hipercoagulabilidad, mientras que el estudio de los polimorfismos en los genes **MTHFR** y **SERINE (PAI-1)** aporta información complementaria sobre la vía de la homocisteína y la alteración de la capacidad fibrinolítica. La caracterización precisa de estos marcadores resulta determinante para personalizar el abordaje clínico, guiar decisiones sobre tromboprofilaxis, optimizar el manejo de las pérdidas gestacionales recurrentes y prevenir complicaciones obstétricas severas, garantizando una atención médica integral basada en la evidencia.

INTEGRACIÓN DE HERRAMIENTAS MOLECULARES EN EL DIAGNÓSTICO PRENATAL

Clara Fay. Cibic Laboratorios. clarifay98@gmail.com

Actualmente, las guías internacionales dividen las pruebas genéticas prenatales en estrategias no invasivas e invasivas, recomendando un abordaje diagnóstico escalonado según el riesgo clínico y los hallazgos ecográficos. Las estrategias no invasivas, basadas en ADN fetal libre (cfDNA, siglas en inglés) en sangre materna, se utilizan como screening de aneuploidías mediante NIPT (Non-invasive Prenatal Testing), así como para la determinación del sexo fetal y/o del genotipo del antígeno RhD. Cuando se requiere confirmación diagnóstica, las técnicas invasivas constituyen el gold standard y se deben utilizar muestras de vellosidades coriales o de líquido amniótico. En este contexto, la PCR cuantitativa fluorescente (QF-PCR por sus siglas en inglés *Quantitative Fluorescent PCR*) permite la detección rápida de aneuploidías. El cariotipo identifica alteraciones cromosómicas numéricas y estructurales, mientras que el microarray cromosómico (CMA) incrementa la resolución diagnóstica ya que permite detectar ganancias o pérdidas de material genético a lo largo de todo el genoma (variantes en número de copias o CNVs). Por su parte, el exoma se incorpora progresivamente para la detección de variantes de secuencia, incluyendo SNPs y pequeñas inserciones/deleciones, asociadas a enfermedades monogénicas. Las guías internacionales recomiendan un abordaje diagnóstico integrado, en el que la combinación de herramientas citogenéticas y moleculares maximiza el rendimiento diagnóstico y optimiza el asesoramiento genético y la toma de decisiones clínicas.

PANELES GENÉTICOS EN EL ESTUDIO DE CÁNCER DE MAMA Y OVARIO.

Patricia Saldías. Centro de Investigación en Oncología del Hospital Provincial del Centenario. Jefe de Servicio de Oncología Grupo Gamma. pepa1310@hotmail.com

La implementación de paneles genéticos multigénicos mediante secuenciación de nueva generación (NGS) representa un pilar fundamental de la medicina de precisión aplicada a la ginecología, transformando radicalmente la prevención y el abordaje del cáncer de mama y ovario hereditario. La evolución desde el análisis exclusivo de *BRCA1/2* hacia el estudio simultáneo de genes de alta y moderada penetrancia (como *PALB2*, *ATM*, *CHEK2*, *BRIP1* y *RAD51C/D*) permite una estratificación del riesgo sumamente precisa y personalizada. Esta caracterización genómica impacta de manera directa en el manejo clínico: sustenta la prevención primaria mediante el diseño de esquemas de seguimiento intensivo, cirugías reductoras de riesgo y el estudio en cascada de familiares asintomáticos, al tiempo que guía decisiones terapéuticas de vanguardia mediante el uso de terapias dirigidas, como los inhibidores de PARP. Finalmente, la integración de estas tecnologías en la práctica médica diaria exige sortear desafíos clave como la interpretación de variantes de significado incierto (VUS) y garantiza la necesidad indispensable de un asesoramiento genético riguroso y humano.

GMV

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL

GENETICS AND PLANT BREEDING

GMV 1

APORTES AL ESTUDIO DE LA BASE GENÉTICA DEL CARÁCTER DEHISCENCIA EN LA FORRAJERA *Panicum coloratum* L.

Cravero L.¹, J.M. Irazoqui^{1,2}, G. Santiago^{1,2}, A.F. Amadio^{1,2}, M.A. Tomás^{1,2}, M.L. Díaz³, M.F. Eberhardt^{1,2} ¹Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL, INTA-CONICET); ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona semiárida (CERZOS, CONCIET-UNS).
cravero.luisina@inta.gob.ar

La dehiscencia es un proceso adaptativo que favorece la dispersión en especies silvestres, pero en sistemas agrícolas ocasiona pérdidas de rendimiento. En diversos cereales, la domesticación permitió reducir este rasgo mediante modificaciones en genes que regulan la formación de la zona de abscisión. Sin embargo, en numerosas gramíneas continúa siendo una limitante productiva. Este es el caso de *Panicum coloratum* L., una especie forrajera adaptada a regiones semiáridas, cuya naturaleza alógama y condición tetraploide dificultan la fijación de caracteres de retención de semillas mediante mejoramiento convencional. Con el objetivo de estudiar la base genética de este rasgo, se identificaron genes asociados a la dehiscencia previamente caracterizados en gramíneas, entre ellos *SvLes*, y *Sh1*, y se buscaron sus homólogos en *Panicum*. Se diseñaron cebadores específicos, se realizaron extracciones de ADN y se amplificaron estos genes a partir de dos poblaciones de *P. coloratum*: SR con una retención superior del 26% a los 42 días tras la antesis y EM reteniendo únicamente el 14% en el mismo período. Los amplicones obtenidos fueron secuenciados mediante tecnología Oxford Nanopore, las lecturas fueron filtradas y mapeadas contra *P. miliaceum* empleando el algoritmo *minimap2*. Este procedimiento permitió mapear las bases conservadas, e identificar variantes, haplotipos y patrones de mutación. Estos resultados aportan información relevante para futuros programas de mejoramiento orientados al desarrollo de variedades con mayor retención de semillas.

GMV 2

IDENTIFICACIÓN DE CARACTERES MORFOAGRONÓMICOS ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE SEMILLAS EN *Panicum coloratum* var. *coloratum* MEDIANTE MODELOS PREDICTIVOS

Ramírez C.¹, L. Umbriago¹, M. Lifschitz¹, P. Kühn², M.A. Tomás^{1,2}.
Instituto de Investigación de la Cadena Láctea, INTA Rafaela-CONICET; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf). ramirez.camila@inta.gob.ar

La identificación de caracteres asociados a la producción de semillas es fundamental para comprender los factores que determinan el rendimiento y optimizar la evaluación de germoplasma en especies forrajeras subtropicales. El objetivo fue identificar caracteres morfoagronómicos con capacidad para explicar y predecir la producción de semillas en *Panicum coloratum* var. *coloratum*. Se analizaron 90 plantas de nueve accesiones de la colección de germoplasma del INTA Rafaela, evaluadas para caracteres vegetativos y reproductivos. Se compararon modelos predictivos OLS, Ridge, LASSO, Elastic Net y Random Forest mediante validación cruzada repetida (10 particiones, 20 repeticiones) utilizando R versión 4.5.0. El modelo LASSO presentó el mejor desempeño predictivo (Error cuadrático medio = ECM=11,99; R²=0,85), seguido por Elastic Net (ECM=12,22; R²=0,85), mientras que OLS, Ridge y Random Forest mostraron menor capacidad predictiva. Los componentes del rendimiento (número de semillas y de panojas y peso de mil semillas) se identificaron como las variables más relevantes. Entre los caracteres no asociados directamente al rendimiento, el ancho de hoja bandera destacó por su contribución en los modelos de predicción. El análisis de correlaciones por accesión evidenció que la asociación entre este carácter y la producción de semillas fue variable entre accesiones. Los resultados indican que la producción de semillas es un carácter complejo determinado por múltiples atributos morfoagronómicos y que los modelos predictivos constituyen herramientas útiles para identificar variables relevantes asociadas al rendimiento.

GMV 3

CARACTERIZACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE MEDIANTE MODELOS AMMI, WAASB Y WAASBY EN MATERIALES EXPERIMENTALES DE *Melilotus albus* Medik.

Lifschitz M.¹, Umbriago L.¹, C. Ramirez¹, P. Kühn², A.E. Ré³, V. Arolfo⁴, A. Affinito⁵, M. Acuña⁵, M.A. Tomás^{1,2}. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³EEA INTA Concepción del Uruguay; ⁴EEA INTA Manfredi; ⁵EEA INTA Pergamino. mauroelif@hotmail.com

Melilotus albus es una leguminosa forrajera naturalizada en Argentina con elevado potencial para sistemas ganaderos en suelos con limitaciones edáficas y como cultivo de servicio por su alta producción de biomasa. El objetivo fue evaluar la interacción G×E, la estabilidad y la adaptación de tres materiales de *M. albus*. Se evaluaron dos materiales experimentales (Exp.), desarrollados por el programa de mejoramiento del INTA junto con un cultivar comercial en cinco ambientes con diferentes potenciales productivos: Rafaela, Manfredi, Rubiolo (sitio salino-sódico), Concepción del Uruguay y Pergamino. Exp. P fue obtenido mediante selección recurrente por producción y calidad forrajera en ambientes de alto potencial productivo, mientras que Exp. S fue seleccionado por tolerancia a salinidad-sodicidad. Los ensayos se establecieron en otoño 2025 en un diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones por ambiente y se determinó la producción total de materia seca al finalizar el ciclo. El análisis de la varianza detectó una interacción G×E significativa ($P = 0,048$). El test de Gollob indicó que únicamente el primer componente principal fue significativo ($P = 0,037$). Los análisis WAASB y WAASBY evidenciaron adaptación diferencial entre materiales, identificando a Exp. S como el material más estable (WAASB=12,6) y con la mejor combinación entre rendimiento y estabilidad (WAASBY=86,7). Estos resultados validan los criterios de selección empleados en el programa de mejoramiento.

GMV 4

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS MEDIANTE ESPECTROSCOPÍA DE INFRARROJO CERCANO EN *Festuca arundinacea* Schreb.

Umbriago L.¹, C. Ramirez¹, M. Lifschitz¹, P. Kühn², M. Acuña³, C. Bruno^{4,5}, M.A. Tomás^{1,2}. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³EEA INTA Pergamino; ⁴Estadística y Biometría Grupo Vinculado a la Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA) INTA-CONICET; ⁵Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. umbriago.luciana@inta.gov.ar

Identificar la variabilidad genética es fundamental en los programas de mejoramiento para seleccionar genotipos superiores. La espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) constituye una herramienta fenómica rápida, no destructiva y de bajo costo con potencial para detectar diferencias genéticas. El objetivo fue estimar los componentes de varianza genética (G), ambiental (A), interacción genotipo × ambiente (G×A) y residual, así como la heredabilidad (H^2) de los espectros NIR de biomasa de *Festuca arundinacea*. Se evaluaron 1.800 plantas (200 genotipos × 3 repeticiones × 3 ambientes) provenientes de accesiones del banco de germoplasma de INTA Pergamino y cultivares comerciales, en Rafaela, Pergamino y Rubiolo, mediante un diseño en bloques completos al azar. La biomasa seca fue molida y analizada con un equipo NIRS Perten DA 7250 (950–1650 nm; resolución de 2 nm). Los espectros fueron sometidos a distintos pretratamientos (normalización, detrend, primera y segunda derivada). Para cada longitud de onda se ajustó un modelo mixto con G, A, G×A y bloque anidado en ambiente, estimándose los componentes de varianza y H^2 . Los espectros crudos capturaron la mayor proporción de varianza genética (9%), mientras que los normalizados presentaron la mayor varianza ambiental (31,6%) y la menor varianza residual (50,5%). La H^2 fue baja, con medias de 0,097 en espectros crudos y 0,073 en los normalizados. Los resultados evidencian que los espectros NIR permiten detectar variación genética y ambiental, posibilitando la estimación de la heredabilidad a lo largo del espectro.

GMV 5

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y SU ASOCIACIÓN GENOTÍPICA DE *Panicum coloratum* PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL MEDIANTE GEN-R

Kühn P.¹, L. Armando^{2,3}, C. Bruno^{4,5}, M.A. Tomás^{1,6}. ¹Facultad de Tecnologías e Investigación para el Desarrollo, Universidad Nacional de Rafaela; ²Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires; ³Laboratorio de Ecosistemas Naturales y Agropecuarios, Comisión de Investigaciones Científicas (LENA-CIC), Buenos Aires; ⁴Estadística y Biometría Grupo Vinculado a la Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA) INTA-CONICET; ⁵Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba; ⁶Instituto de Investigación de la Cadena Láctea IDICAL (INTA-CONICET). priscilaayelenkuhn@gmail.com

La especie forrajera *Panicum coloratum* L., gramínea subtropical tolerante a salinidad y anegamientos periódicos, es autotetraploide ($2n=4X=36$), tiene elevada variabilidad genética y baja heredabilidad de los caracteres agronómicos. Estas características dificultan nuevos avances en mejoramiento. El objetivo del trabajo fue relacionar variables fenotípicas con marcadores ISSR en una colección de *P. coloratum* var. *makarikariense* e identificar asociaciones fenotipo-genotipo mediante GEN-R, una aplicación desarrollada en R/Shiny. Se construyeron además modelos para predecir el fenotipo a partir de marcadores. Se evaluaron 87 individuos de siete poblaciones: DF, UCB y MR de Córdoba, BR y ER de Corrientes, CO (comercial) y una población clonal (IF), caracterizados con nueve variables morfológicas. Los cebadores ISSR identificaron 113 bandas polimórficas. Las variables fenotípicas con mayor variabilidad entre individuos fueron filocrono en verano (PhySu), CV=44% y en primavera (PhyS) CV=34%. El Análisis de Componentes Principales discriminó las accesiones ER y CO con alto PhySu y altura de planta (PH), de IF con mayor ancho de hoja (LWS) y tasa de elongación de hojas/macollo en primavera (LERS). El AMOVA mostró que el 77% de la variabilidad genética está entre poblaciones. Los modelos identificaron marcadores asociados principalmente a PhySu y PH. Los modelos de predicción mostraron $R^2 > 0.8$ para PH y LWSu en verano. GEN-R facilitó la integración de los análisis fenotípicos y moleculares y la visualización de los resultados para el análisis de datos en estudios de mejoramiento genético vegetal.

GMV 6

OPTIMIZACIÓN DE LA CALLOGÉNESIS Y REGENERACIÓN *IN VITRO* EN FESTUCA (*Lolium arundinaceum* (Schreb.) Darbysh.)

Cura L.¹, D. López Miró², C. Jozefkowicz³, M.A. Affinito^{1,2}, M.L. Roldán², M. Acuña^{1,2}. ¹Universidad Nacional Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA); ²Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); ³Instituto de Genética Ewald A. Favret (IGEAF) – Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) – CONICET-INTA. lcura025@comunidad.unnoba.edu.ar

La festuca alta es una gramínea forrajera cuya poliploidía, autoincompatibilidad y tipo de polinización restringen el mejoramiento convencional, por lo que la edición génica (EG) vía CRISPR/Cas9 resulta una alternativa promisorio. El objetivo fue optimizar los protocolos de callogénesis y regeneración *in vitro* de tres sintéticas experimentales (L1, L2 y L3). Se compararon los explantes de semilla entera (S) o corte longitudinal (CL) y embrión (E), cultivados en medio MS 1X con 0; 5; 7,5; 10 y 15 mg/L de 2,4-diclorofenoxiacético (2,4D). Los callos se regeneraron en MS 1X con 6-bencilaminopurina 0,5 mg/L y las plántulas se enraizaron en MS 0,5X. El número de callos, plántulas regeneradas y con raíz se analizó mediante GLM binomial y prueba DGC. CL y E presentaron mayor capacidad de callogénesis, y el 2,4D favoreció la formación de callos, excepto a 15 mg/L. L2 fue la de mejor desempeño. Luego de 35 días (D), L1 y L2 presentaron la mayor capacidad de regeneración, favorecida por concentraciones de 7,5 a 15 mg/L de 2,4D. A los D55 hubo efecto del tipo de explante con mejor regeneración para CL y existió interacción sintética x hormona, destacándose L1 con 10 mg/L de 2,4D y L2 con 10 y 15 mg/L de 2,4D. La formación de plántula se evaluó a D50 y D65, destacándose L2. El mayor desarrollo radicular se observó en 5 y 7,5 de 2,4D y en L1 y L2. Los resultados demostraron que la respuesta morfogénica depende del material genético, del explante y de la concentración de 2,4D, lo que aporta información relevante para optimizar la regeneración *in vitro* y facilitar la EG en la especie.

GMV 7

EVALUACIÓN MULTI-AMBIENTAL DE UNA POBLACIÓN RAIGRÁS TETRAPLOIDE CON Y SIN HONGO ENDÓFITO

Ré A.¹, D. Pinget¹, M. Acuña², L. Iannone³. ¹INTA EEA Concepción del Uruguay; ²INTA EEA Pergamino; ³INMIBO CONICET-UBA. Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

En raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.), los estudios sobre los efectos del endófito *Epichloë occultans* en germoplasma tetraploide son escasos. El objetivo fue evaluar la interacción genotipo × ambiente (G×E) y adaptación de la población P10 de raigrás tetraploide, en su versión infectada (E+) y libre (E-) de endófito, creciendo en múltiples ambientes productivos de Argentina. Los ensayos se condujeron bajo un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones anidadas dentro de cada ambiente. Se evaluó la población P10 (E+ y E-) en ocho localidades y cinco años, considerando ambiente a la combinación sitio*año. La variable analizada fue la producción de forraje (kg MS/ha.año) con un modelo de regresión de sitios (SREG). El primer componente principal (PC1) explicó prácticamente el 100% de la varianza acumulada para los efectos combinados de genotipo y G×E. El biplot SREG discriminó de manera lineal el desempeño de los materiales frente al gradiente ambiental, donde P10 E+ se destacó ($p < 0,05$) en los ambientes de mayor producción promedio (PER2023 y VIE2025) y P10 E- se destacó solamente en el ambiente de menor producción media (ANG2022). Este comportamiento sugiere una respuesta diferencial mediada por la presencia del endófito, el cual maximizó la capacidad de utilizar los recursos disponibles y otorgó una mayor adaptabilidad en los ambientes de alta productividad forrajera.

GMV 8

INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE Y ESTABILIDAD FENOTÍPICA EN GENOTIPOS DE TRITICALE

Pinget D.¹, G. Donaire², M. Acuña³, A. Ré¹. ¹INTA EEA Concepción del Uruguay; ²INTA EEA Marcos Juárez; ³INTA EEA Pergamino. Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

El objetivo de este trabajo fue evaluar el comportamiento productivo y la estabilidad fenotípica de cultivares y líneas experimentales de triticales (*Triticosecale* Wittmack) próximas a inscribir. Durante 2025, en las EEAs Marcos Juárez, Pergamino y Concepción del Uruguay de INTA, se evaluaron 3 cultivares comerciales y 4 líneas experimentales bajo un DBCA con tres repeticiones. Se midió la producción de forraje mediante cortes periódicos para generar las variables producción de otoño-invierno (OTOINV), primavera (PRI) y el acumulado (TOTAL). La interacción genotipo por ambiente (G×E) y la estabilidad se analizaron mediante el método de Shukla con el paquete “metan” en R, estimando la varianza de la estabilidad de Shukla (σ^2_e), y el Índice de Selección Simultánea (SSI). El análisis de varianza reveló efectos significativos de la interacción G×E para las tres variables. En OTOINV, BARBOL INTA logró la mayor producción (4784 kgMS/ha) pero máxima inestabilidad, mientras JP1026 fue el más predecible (SSI=4). En PRI, BARBOL INTA disminuyó drásticamente su rendimiento, mientras CONCOR INTA mostró la mayor producción (2169 kgMS/ha) pero alta sensibilidad ambiental, logrando JP1015 la máxima estabilidad primaveral. Para TOTAL, CONCOR INTA capitalizó su ventaja primaveral posicionándose como uno de los materiales más estables y productivos (SSI=5), igualando el mérito de JP1015, el cual destacó por ser el de mayor estabilidad en todo el ciclo. Los cambios en el SSI evidencian que la interacción G×E en triticales es dinámica y altamente dependiente de la estación de crecimiento.

GMV 9**EVALUACIÓN MULTIAMBIENTAL DE GENOTIPOS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.). CAMPAÑA 2025/26**

Durand M., J. Colazo. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Concepción del Uruguay, Entre Ríos. marianodurand87@gmail.com

La evaluación multiambiental constituye una etapa esencial para la selección y recomendación de cultivares. El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento, la estabilidad y la adaptación de genotipos de arroz. Se evaluaron 18 genotipos en tres ambientes durante la campaña 2025/26. Los componentes de varianza se estimaron mediante el método de máxima verosimilitud restringida (REML), considerando como efectos aleatorios el ambiente, el genotipo y la interacción genotipo×ambiente. El rendimiento se analizó considerando los efectos del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo×ambiente, mediante un gráfico de rendimiento-estabilidad y un GGE biplot. La interacción genotipo×ambiente explicó el 19,2 %, mientras que el efecto del genotipo representó el 18,5 %. El ambiente mostró la menor contribución (9,9 %). El rendimiento promedio de los tres ambientes fue de 9.507 kg/ha. El análisis de rendimiento-estabilidad permitió identificar a Angirú, B-21-3, Cambá, Gurí, Karandú y Timbó como los genotipos con mejor comportamiento entre ambientes, con rendimientos promedio de 10.649, 10.538, 10.209, 10.069, 9.760 y 9.524 kg/ha, respectivamente. El GGE biplot evidenció dos mega-ambientes, diferenciando a Monte Caseros de los ambientes San Salvador y Concepción del Uruguay. El análisis permitió identificar genotipos con adaptación específica y otros con comportamiento más estable entre los ambientes evaluados. Los resultados obtenidos aportaron información para la selección y recomendación de cultivares en los distintos ambientes de producción.

GMV 10**VALIDACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A CARACTERES DE CALIDAD CULINARIA EN GERMOPLASMA DE ARROZ INTA (*Oryza sativa* L.)**

Parada S., F. González, J. Colazo. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Concepción del Uruguay, Entre Ríos. parada.sofia@inta.gob.ar

La calidad culinaria del arroz está influenciada por el contenido de amilosa y la temperatura de gelatinización del almidón. Su determinación requiere tiempo y granos maduros, limitando su evaluación en etapas tempranas del mejoramiento. Los marcadores GBSSI/Wx y ALK/SSIIa, asociados al contenido de amilosa y a la temperatura de gelatinización, permiten predecir caracteres desde estadios iniciales. El objetivo fue evaluar su asociación con fenotipos en materiales del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz del INTA. Se genotipificaron 72 materiales para ALK/SSIIa y 64 para GBSSI/Wx mediante KASP. El contenido de amilosa aparente (CAA) se determinó por espectrofotometría y la temperatura de gelatinización mediante el valor de dispersión alcalina (VDA). La asociación se evaluó mediante prueba exacta de Fisher y V de Cramer. Para GBSSI/Wx, 56 de los 64 materiales presentaron CAA alto ($\geq 26\%$) y genotipo GG. La asociación fue significativa ($p < 0,0001$) ($V = 0,77$). Para ALK/SSIIa, el genotipo TT presentó mayor proporción de materiales con VDA alto (≥ 6), asociado a baja temperatura de gelatinización: 83,9% frente al 20% en TT y GC. La asociación fue significativa ($p < 0,0001$) ($V = 0,51$). Los resultados evidencian el potencial de ambos marcadores para la selección asistida por marcadores de caracteres de calidad culinaria.

GMV 11

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD AMILOLÍTICA EN GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) A BAJAS TEMPERATURAS

Durand M.¹, B. Wyss², A. Rodríguez², J. Colazo¹, S. Maiale².

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Concepción del Uruguay, Entre Ríos; ²Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Buenos Aires. santiagomaiale@hotmail.com

El arroz (*Oryza sativa* L.) es un cultivo sensible a las bajas temperaturas, donde las amilasas son esenciales para la germinación, proporcionando la energía necesaria para el embrión, influyendo en la tolerancia al frío durante esta etapa. El objetivo de este trabajo fue estudiar la relación entre la actividad de las enzimas amilolíticas y la tolerancia a bajas temperaturas en genotipos de uso local y caracterizar materiales indicas y japónicas de un panel de diversidad (PD). Se utilizaron 47 genotipos usados como progenitores en el programa de mejoramiento del INTA y un PD, con 220 variedades genotipadas. Las semillas se sembraron en cámara de crecimiento a 15°C y el tiempo óptimo de medición se estableció en 5 días desde la siembra. En los genotipos locales se midió la actividad de la alfa y beta amilasa, actividad diastásico total (DT) y azúcares acumulados y estos dos últimos parámetros en el PD. Se midió por otro lado el largo del coleóptilo a 14 días (LongCol14) como índice de tolerancia. El análisis de correlación mostró asociación entre LongCol14 y todos los parámetros con excepción de la alfa amilasa con un r de Pearson de 0,5042 y 0,5786 para azúcares acumulados y DT respectivamente. En el PD se observó diferencias significativas entre japónica e indicas para azúcares acumulados, pero no para DT. En conclusión, los azúcares acumulados y DT mostraron correlación con tolerancia a bajas temperaturas. Por otro lado, el parámetro de azúcares acumulados podría usarse en el desarrollo de marcadores moleculares mediante el uso de GWAS.

GMV 12

PROTOCOLO DE SSR-DNA-BARCODING Y EVALUACIÓN DE ROBUSTEZ GENÉTICA PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GERMOPLASMA DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum* spp.)

Pocovi M.¹, G. Caruso¹, G. Serino². ¹Consejo de Investigación de la Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; ²Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Colonia Santa Rosa, Salta, Argentina. fcn13161@gmail.com

La identificación genética de accesiones en bancos de germoplasma es clave para la trazabilidad de recursos fitogenéticos. En la caña de azúcar (*Saccharum* spp.), poliploides/aneuploides, la dosificación alélica complica la interpretación genotípica. Se presenta una metodología para evaluar la robustez del genotipificado mediante SSR y un sistema de DNA-*barcoding* para identificar accesiones del Banco de Germoplasma de caña de azúcar de la Chacra Experimental Agrícola Colonia Santa Rosa (Salta, Argentina). Se analizaron de 3 a 5 réplicas individuales y en bulk de 12 accesiones mediante SSR (NKS22, NKS26, NKS38 y mSSCIR1), considerando cada banda como un *locus* con presencia/ausencia. Con la matriz binaria se calcularon métricas de confiabilidad: *Repetibilidad* (Re : coeficiente de Simple Matching), *Tasa de error* ($1 - Re$), *Estabilidad por Variedad* (VS : proporción de posiciones de *loci* estables respecto al total, que mide consistencia intra-varietal) y *Estabilidad por Posición de Locus* (LPS : proporción de variedades con posición de *locus* estable, que mide estabilidad inter-variedad). Con los *loci* estables de cada SSR se construyó un DNA-*barcode* para identificar cada accesión. Se obtuvo alta Re media: global (0,886; $SD=0,077$), bulks (0,902; $SD=0,087$) e individuales (0,869; $SD=0,105$). La tasa de error global ($1-Re$) fue baja (0,114; 11.4%). NKS38 fue el más confiable ($Re_{bulks}=1,0$; $VS=1$; $LPS=1$) y mSSCIR1 discriminó las 12 accesiones. La integración de 39 *loci* estables generó DNA-*barcodes* exclusivos con 100% de precisión, logrando un protocolo robusto para la trazabilidad.

GMV 13

COMPARACIÓN DE MATRICES DE DISTANCIAS GENÉTICAS EN CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum officinarum* L.) ESTIMADAS CON MARCADORES ASOCIADOS A RESISTENCIA A ROYA (*Puccinia melanocephala* H. Sydow & P. Sydow) Y MARCADORES SSR

Delgado R.D, S.G. Cedolini, M.I. Pocovi. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. romi.delgado88@gmail.com

La caña de azúcar (*Saccharum officinarum*) es un cultivo agrícola-industrial de importancia mundial. Entre las enfermedades que afectan su rendimiento se destaca la roya marrón, causada por el hongo *Puccinia melanocephala* H. Sydow & P. Sydow. Una fuente de resistencia es el gen mayor *Bru1*, al cual están ligados los marcadores R12H16 y 9020-F4-PCR-RsaI. Dado que estos marcadores se utilizan en selección asistida, resulta de interés evaluar si reflejan el patrón de relaciones genéticas obtenido mediante un panel amplio de marcadores SSR. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos matrices de distancias genéticas: una obtenida con marcadores asociados a *Bru1* y otra con marcadores SSR, mediante su correlación. Se analizaron 16 accesiones de caña de azúcar de la colección de germoplasma de la Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa (CEASR), institución que nuclea a los ingenios argentinos de Salta y Jujuy. Se utilizaron dos conjuntos de dato: marcadores asociados a *Bru1* (R12H16 y 9020-F4-PCR-RsaI) y 66 marcadores SSR. Para cada conjunto se construyó una matriz de distancia genética mediante el coeficiente Simple Matching y se visualizaron mediante mapas de calor. Finalmente, se realizó una prueba de Mantel para evaluar la correlación ambas matrices. El análisis reveló una correlación estadísticamente significativa ($r = 0,2376$, $p = 0,0290$). Estos resultados sugieren que los marcadores asociados a *Bru1* pueden constituir herramientas complementarias para la caracterización, conservación y utilización del germoplasma de caña de azúcar en programas de mejoramiento genético.

GMV 14

SEÑALES DE DIFERENCIACIÓN NO NEUTRAL EN CARACTERES DE FRUTO DE *Solanum betaceum* Cav.: UN ENFOQUE EXPLORATORIO DE REDUNDANCIA Y COMPARACIÓN PST-FST

Caruso G.B.^{1,2}, C.Y. Lamas², M.M. Urtasun³, G.R. Pratta⁴.

¹Facultad de Ciencias Naturales, Facultad Regional Orán, CIUNSa, Universidad Nacional de Salta (UNSa); ²Banco de germoplasma de Especies Nativas (BGEN), Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; ³CCT/CONICET Salta-Jujuy; ⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR), CONICET-UNR, Rosario. gbcaruso67@gmail.com

El chilito (*Solanum betaceum* Cav.) es un recurso frutal subutilizado de las Yungas de Argentina. El objetivo fue evaluar patrones de diferenciación fenotípica (diez variables de fruto) entre poblaciones de Salta: San Lorenzo (SL) y Jujuy: Abra Colorada (AC), Arrayanal (ARR), Parcela Cultivada (PC) y Trementinal (Tre). Se realizó un Análisis de redundancia (RDA) y se estimaron índices de diferenciación fenotípica (PST) globales y por pares de poblaciones. Se compararon los PST con índices de diferenciación genética (FST), obtenidos en un trabajo previo con microsatélites. El efecto poblacional fue significativo y explicó el 30,13% de la variación fenotípica ajustada. Los dos primeros ejes reunieron el 85,14% de la variación restringida y se asociaron con tamaño y estructura del fruto y con componentes cromáticos. Las comparaciones multivariadas entre pares de poblaciones fueron significativas. Los mayores contrastes fueron AC-PC y AC-Arr, mientras que los pares con Tre tendieron a diferenciarse menos. Los PST globales más altos correspondieron a la variable cromática b, contenido en sólidos solubles (SS) y pH. Las comparaciones PST-FST revelaron heterogeneidad entre caracteres y pares de poblaciones: PST basado en b fue superior a FST en siete pares de poblaciones; mientras que SS y pH mostraron señales compatibles con manejo y/o selección no intencional en comparaciones que incluyen a PC. Algunos caracteres excedieron lo esperado por deriva génica ($PST > FST$), sugiriendo adaptación local o plasticidad fenotípica, distinción que requerirá ensayos en ambiente común.

GMV 15

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Solanum betaceum* Cav.: COMPARACIÓN ENTRE ENFOQUES DEPENDIENTES E INDEPENDIENTES DEL EQUILIBRIO DE HARDY-WEINBERG

Lamas C.Y.¹, G.B. Caruso^{1,2}, M.M. Urtasun³, G.R. Pratta⁴. ¹Banco de germoplasma de Especies Nativas (BGEN), Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; ²Facultad de Ciencias Naturales UNSa; ³CCT CONICET Salta-Jujuy; ⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR), CONICET-UNR, Rosario. carolalamas14@gmail.com

El chilto (*S. betaceum*) es un frutal subtropical andino de alto valor nutricional y comercial, con potencial para diversificar la matriz productiva del Noroeste Argentino. En estudios previos se cuantificó la variabilidad fenotípica y genética de poblaciones silvestres de Salta (SL) y Jujuy (AC, Arr, Tre, PPA), aunque se desconoce la estructura genética de la especie en la región. El objetivo de este trabajo fue inferir la estructura genética poblacional mediante un modelo bayesiano, que identifica grupos bajo los supuestos de equilibrio de Hardy-Weinberg y de ligamiento (STRUCTURE v2.3.4). Como la biología reproductiva de la especie a nivel local aún no está suficientemente esclarecida, se utilizó un método alternativo de agrupamiento que no considera supuestos genéticos, k-means sobre PCoA de distancias genéticas (*bitwise dist*). La coincidencia entre las asignaciones obtenidas con ambos métodos se evaluó mediante una matriz de confusión, determinando la significancia del acuerdo con el índice Kappa de Cohen (κ). Se analizaron 77 individuos con 10 *loci* SSR. STRUCTURE reveló dos grupos genéticos principales: PPA y Arr en el CLUSTER I ($Q > 0,90$) y AC y SL en el CLUSTER II ($Q > 0,80$), Tre presentó una composición genética intermedia ($Q = 0,52$ CLUSTER I; $Q = 0,48$ CLUSTER II). K-means recuperó el mismo patrón general: Arr-PPA en G1 y AC-SL en G2, Tre con distribución intermedia. La concordancia en la asignación de los individuos a los grupos entre ambos métodos fue moderada (71%, $\kappa = 0,428$ $p < 0,00017$), demostrando una estructura genética consistente.

GMV 16

MÉTODOS MULTIVARIADOS A TRES VÍAS COMO NUEVA ESTRATEGIA PARA EL ANÁLISIS EXPLORATORIO DE DATOS COMPLEJOS DE RNA-seq: TOMATE COMO ESPECIE MODELO

Cacchiarelli P.^{1,2}, F.E. Spetale³, G.R. Rodríguez¹, G.R. Pratta¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET/UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³CIFASIS - CONICET/UNR, Rosario, Santa Fe, Argentina. cacchiarelli@iicar-conicet.gov.ar

La creciente aplicación de RNA-seq y la complejidad de los datos disponibles requieren Métodos estadísticos Multivariados de Tres Vías (MM3V) que, a diferencia del Análisis de Componentes Principales (ACP: genera ejes llamados Componentes Principales, CP), permitan analizar e integrar simultáneamente múltiples fuentes de variación. El objetivo fue aplicar un Análisis Factorial Múltiple (AFM: genera Dimensiones factoriales, Dim) a un RNA-seq de frutos de tomate con estructura compleja incluyendo 4 Genotipos (G: Caimanta, LA0722, ToUNR18 y ToUNR1) y 3 Estado de Madurez (EM) para ~35.000 transcritos. Los valores de expresión fueron obtenidos como recuentos absolutos para lograr una matriz final ($N = 420.000$). Como control, se aplicó un ACP. La CP1 explicó 39,3% de la variación y separó por EM, mientras que CP2 el 12,3% y separó parcialmente por G. El AFM mostró que Dim1 explicó el 53,9% de la variabilidad y Dim2 el 31,9%. Los puntos de consenso del AFM mostraron agrupamiento por G y EM conjuntamente de acuerdo a lo esperado. Caimanta quedó dentro de los valores positivos de Dim1 y negativos de Dim2 y LA0722, hacia los valores positivos de ambas dimensiones. ToUNR1 y ToUNR18, G mejorados, se agruparon próximos en los valores negativos de la Dim1 y el valor cero de la Dim2. El AFM posibilitó proyectar G, EM y transcritos en el espacio factorial, facilitando la identificación de genes candidatos. Este MM3V determinó la estructura transcriptómica global, detectar genes con alta contribución a las dimensiones factoriales y caracterizar módulos de expresión asociados a cada genotipo.

GMV 17

EFFECTO RECÍPROCO EN LA DETECCIÓN DE QTLs PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN POBLACIONES F2 DERIVADAS DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE

Perez Marder, H.E.¹, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, V. Cambiaso^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. perezmarder@iicar-conicet.gob.ar.

Los cruzamientos recíprocos entre especies cultivadas y silvestres de tomate pueden aportar variabilidad para caracteres de calidad de fruto. El objetivo fue evaluar el efecto recíproco en la detección de QTLs para caracteres de calidad de fruto en dos poblaciones F2 recíprocas derivadas del cruzamiento entre el cultivar Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión silvestre LA0722 (P) de *Solanum pimpinellifolium* L. (F2CxP y F2PxP). Se genotiparon ambas poblaciones con un panel de 384 SNP y cuatro marcadores funcionales (*FAS*, *LC*, *fw2.2*, *fw3.2*). Se construyeron mapas de ligamiento con el paquete R/qtl y se detectaron QTLs mediante el mapeo por intervalo simple utilizando un umbral mínimo de LOD > 2,4. El mapa F2CxP quedó conformado por 16 grupos de ligamiento (164 marcadores, 968,9 cM, distancia promedio 6,5 cM y máxima 36,3 cM), mientras que el mapa F2PxP presentó 13 grupos (182 marcadores, 1078,1 cM, distancia promedio 6,4 cM y máxima 54,9 cM). Se detectaron 24 QTLs en F2CxP y 14 en F2PxP. Para comparar su posición entre ambas poblaciones, los grupos de ligamiento se vincularon al mapa físico de referencia (SL 4.0), lo que permitió identificar regiones genómicas en común para sólidos solubles, forma y número de lóculos. De los 11 caracteres evaluados, solo tres presentaron QTLs coincidentes en ambas poblaciones F2. Se concluye que la dirección del cruzamiento condiciona la detección de los QTLs, indicando una recombinación diferencial según el sentido del cruzamiento.

GMV 18

DETERMINACIÓN DE HERENCIA MATERNA A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES DESARROLLADOS A PARTIR DE POLIMORFISMOS MITOCONDRIALES Y CLOROPLÁSTICOS DE TOMATE

Defarge N.¹, V. Cambiaso^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. grodrig@unr.edu.ar

Los efectos recíprocos son cambios fenotípicos que ocurren al invertir el rol sexual de los progenitores. En tomate (*Solanum lycopersicum* L.), demostramos su presencia en atributos de calidad del fruto y propusimos que se deben a la interacción diferencial entre genes citoplasmáticos de herencia materna y el genoma nuclear. Con el objetivo de rastrear la herencia materna en poblaciones derivadas del cruzamiento recíproco entre el cv. Caimanta y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* y una colección diversa de 50 accesiones desarrollamos marcadores a partir del alineamiento de las lecturas obtenidas mediante secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés) de los progenitores a genomas mitocondriales y cloroplásticos de referencia. Se detectaron 8 inserciones/deleciones (INDEL) y 16 polimorfismos de nucleótido único (SNP) respecto a la referencia mitocondrial MF034193.1 (LA1479), y 6 INDEL y 13 SNP con MF034192.1 (LA1421). En el genoma cloroplástico de LA3023 se identificaron 29 INDEL y 63 SNP. Se hallaron polimorfismos en regiones codificantes de 10 genes cloroplásticos, pero ninguno en genes mitocondriales. Se validaron un marcador cloroplástico y dos mitocondriales mediante fusión de alta resolución (HRM) o marcadores de secuencias polimórficas amplificadas y digeridas derivadas (dCAPS). Estos marcadores permitieron rastrear la herencia materna en generaciones F₁ y F₂ derivadas de cruzamientos recíprocos y detectar en una colección de 50 accesiones polimorfismos asociados con el tipo de germoplasma, cultivado o silvestre, y una variante específica del cultivar Caimanta.

GMV 19

IMPLEMENTACIÓN DE META-ANÁLISIS Y ANÁLISIS FACTORIAL MÚLTIPLE DUAL PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS: UN APROXIMACIÓN EN QUÍNOA

Costa Tártara, S.M.^{1,2}, D.P. Arce^{3,4}, G.H. Tolosa², G.R. Pratta⁵.

¹CONICET; ²Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires; ³Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe; ⁴Facultad Regional San Nicolás, Universidad Tecnológica Nacional, Buenos Aires; ⁵Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR) CONICET, Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe. scosta@unlu.edu.ar

Para integrar datos procedentes de diferentes transcriptomas puede recurrirse al Análisis Factorial Múltiple Dual (AFMD) o al meta-análisis (MA), dos técnicas complementarias para identificar genes candidatos. El trabajo implementa AFMD y MA para evaluar patrones de expresión de genes conservados en quínoa (*Chenopodium quinoa*) para identificar proteínas de choque térmico (Heat Shock Proteins, HSPs) de diferente peso molecular (HSP20, HSP70 y HSP90) relevantes en la respuesta a estrés. Se utilizaron cuatro transcriptomas independientes (salinidad: 2, alta temperatura: 1, anegamiento: 1). En el AFMD se incluyeron nueve variables cuantitativas definidas como el cambio de abundancia de transcriptos entre cada condición experimental y su respectivo control, agrupadas en tres factores representados por los estreses. Para el MA se aplicó el algoritmo Robust Rank Aggreg (RRA) que se basa en rankings de genes según el valor de expresión diferencial (ED). El AFMD permitió integrar la variabilidad de las tres condiciones de estrés, explicando el 72 % de la inercia total en las dos primeras dimensiones, e identificar las HSPs con mayor contribución. El MA arrojó 749 genes sobreexpresados y 1020 subexpresados (RRA score < 0,05) destacándose 8 HSP20 consenso (sobreexpresadas CQ025080, CQ044478, CQ001244, CQ026671, CQ032642, CQ025070; subexpresadas CQ020271, CQ020276) que además presentaron mayor contribución a las dos primeras dimensiones en el AFMD. Ambos enfoques permitieron identificar las HSPs más relevantes por su ED y su contribución en el ordenamiento global.

GMV 20

ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO * AMBIENTE EN GENOTIPOS DE PAPA ANDINA (*Solanum tuberosum* subsp. andigena Hawkes) DE LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Contrera E.¹, E. Cointy², J. Perea¹, A. Barrionuevo¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe. gcontrera@agrarias.unca.edu.ar

La papa andina (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) representa una fuente importante de diversidad genética para programas de mejoramiento. Los objetivos principales de este trabajo fueron evaluar la Interacción Genotipo*Ambiente (IGA) para los principales caracteres componentes de rendimiento, en nueve genotipos de papa andina de la provincia de Catamarca, identificar los materiales de mejor comportamiento y seleccionar potenciales progenitores para cruzamientos. Los genotipos Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni, fueron estudiados durante tres años, en dos localidades (La Calera y Las Piedras Blancas). Se utilizaron dos métodos de análisis: método de la Varianza de la estabilidad de Shukla y AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa). Ambos análisis evidenciaron una interacción genotipo*ambiente significativa. Según Shukla, Collareja y Cotagua rosada presentaron estabilidad para número de tubérculos; Ojos de princesa para peso de tubérculos; y Bolinca alargada para rendimiento. El modelo de AMMI identificó ambientes discriminantes y confirmó la estabilidad y elevado rendimiento de Cotagua morada y Morada, mientras que Tuni mostró alto rendimiento con menor estabilidad. Los resultados indican que la magnitud de la IGA depende del carácter evaluado y que la consideración conjunta de estabilidad y rendimiento permite optimizar la selección de progenitores, destacándose el cruzamiento entre Cotagua morada y Bolinca alargada como una alternativa promisorio para generar nueva variabilidad genética.

GMV 21

TOLERANCIA A SALINIDAD EN ESTADIOS REPRODUCTIVOS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS

L. Aguirre^{1,2}, M.F. Grossi Vanacore¹, F. Lizarraga¹, M.J. Ganum Gorriz^{1,2}, H. di Santo^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, M. Rovere², M. Ruiz^{1,2}, E. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC - CONICET, Córdoba, Argentina. hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

En la UN de Río Cuarto se lleva a cabo una caracterización de la tolerancia a salinidad de tritíceas híbridas con el objetivo de aumentar la productividad de sistemas ganaderos en ambientes halomórficos. Se midieron diez caracteres reproductivos en siete líneas en F₉, selectas por su comportamiento durante germinación y estadio vegetativo, y dos testigos bajo dos condiciones de riego: No Salino (NS), 0 dS.m⁻¹, y Salino (S), 8 dS.m⁻¹. Se realizó ANAVA y prueba de diferencia de medias DGC entre líneas, tratamientos y la interacción. No se observaron diferencias en índice de cosecha, n° de espigas y peso de mil semillas. El porcentaje de macollos fértiles fue 14% superior en S (p<0,05). El n° de espiguillas fue superior en las líneas T88, GHA88, Ñ88 y G130 (p<0,05). La interacción entre líneas y tratamientos fue significativa (p<0,05) para los caracteres n° de grano, índice de fertilidad, espiguillas/espiga, peso de mil semillas/espiga y n° de grano/espiga. Respecto a la media de cada carácter, Ñ88 y G130 en S fueron 125% y 179% superiores en n° de grano, T88, G130, Ñ88 y C88 en S, y G130 y C88 en NS fueron 25 a 121% superiores en índice de fertilidad, G130 y Ñ88 en S fueron 23% y 25% superiores en espiguillas/espiga, Ñ88 en NS fue 35% superior en peso de mil semillas/espiga (y sólo se redujo 18% en S), y G130, C88 y Ñ88 en S fueron superiores en grano/espiga. La variabilidad observada confirma la interacción genotipo por condición de salinidad y que existe germoplasma superior en producción de grano forrajero para incorporar en ambientes halomórficos.

GMV 22

IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ RESISTENTES A MANCHA DE ASFALTO

Ruiz M.^{1,2}, Leyva Escalona M.³, Ruiz-Montero M.⁴, San Vicente-García F.M.³, Medeiros Barbosa P.A.³, Dhlwayo T.³, Muñoz-Zavala C.³ ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), México; ⁴Maize seeds company PROASE, Chiapas, México. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

El complejo mancha de asfalto en maíz, cuyo principal agente causal es *Phyllachora maydis*, constituye una de las enfermedades foliares más importantes en regiones húmedas de Centroamérica, donde ocasiona pérdidas significativas de rendimiento. La reemergencia de *P. maydis* en Estados Unidos evidenció la capacidad del patógeno de expandirse y establecerse en nuevas regiones. Si bien en Argentina esta enfermedad está ausente, el intercambio de germoplasma y la conectividad global configuran un escenario de riesgo. En este contexto, CIMMYT, junto a sus socios estratégicos, trabaja en el desarrollo de germoplasma resistente para reducir el impacto de la enfermedad y anticipar su posible dispersión a nuevas áreas de producción. El objetivo del presente trabajo es la identificación de líneas endocriadas de maíz resistentes a mancha de asfalto. Un conjunto diverso de 210 líneas y un testigo resistente se evaluó, bajo infección natural, durante tres ciclos de cultivo en la región de Villaflores, Chiapas, México. La severidad de la enfermedad se registró en dos etapas del cultivo y se calculó el área bajo la curva de progreso de enfermedad (AUDPC). Posteriormente, se realizó un ANOVA para identificar los genotipos de mejor desempeño. El 36% de las líneas evaluadas no presentaron diferencias estadísticas respecto al testigo resistente; de ellas, 17 correspondieron al grupo de grano blanco y ocho al de grano amarillo. En conclusión, existe germoplasma con resistencia a mancha de asfalto que representa una valiosa fuente genética para programas de mejoramiento de maíz en América Latina.

GMV 23

EXPLORACIÓN DE VARIABLES DE CRECIMIENTO PARA FUTUROS ESTUDIOS DE TEMPERATURA BASE EN *Acroceras macrum* Staft.

S. C. Ferrari Usandizaga¹, E. Caballero¹, F. Mignolli² ¹INTA EEA Corrientes, Argentina; ²IBONE-CONICET, Corrientes, Argentina. ferrariusandizaga.s@inta.com.ar

Acroceras macrum es una gramínea forrajera C3 adaptada a ambientes subtropicales húmedos con frecuente anegamiento. Una colección de híbridos intraespecíficos obtenida con fines de mejoramiento se encuentra en evaluación, siendo el crecimiento a bajas temperaturas un carácter de interés para la selección. El objetivo de este trabajo fue explorar la utilidad de distintas variables de crecimiento para evaluar la respuesta de la especie a temperaturas potencialmente limitantes bajo diferentes condiciones hídricas, como etapa preliminar para futuros estudios de temperatura base. Se evaluó una línea con comportamiento invernal intermedio en cámaras de crecimiento mediante cuatro tratamientos resultantes de la combinación de dos temperaturas constantes (12 y 25 °C) y dos condiciones hídricas (riego control y anegamiento superficial). Semanalmente se registraron elongación de tallos, emisión de hojas y emergencia de macollos, y al final del ensayo biomasa aérea y subterránea. La temperatura y la condición hídrica afectaron diferencialmente las variables evaluadas. La elongación y la biomasa aérea mostraron mayor respuesta a la temperatura, mientras que la biomasa subterránea y la emisión de macollos fueron más sensibles a la condición hídrica. Los resultados indican que estas variables constituyen herramientas útiles para futuros estudios orientados a caracterizar la respuesta al frío y apoyar la selección de líneas con mejor crecimiento a bajas temperaturas.

GMV 24

EVALUACIÓN DEL CONTRASTE ENTRE CARACTERES REPRODUCTIVOS DE INTERÉS AGRONÓMICO EN 28 ACCESIONES DE POROTILLO (*Macroptilium lathyroides* L. Urb.)

Bieri E.B.^{1,2}, Castro C.G.², Zabala J.M.^{1,3}, Marinoni L.^{1,3}, Pensiero J.F.^{1,3} ¹Instituto de Ciencias Agropecuarias del Litoral (CONICET-UNL); ²EEA INTA Reconquista; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral (FCA-UNL). bieri.erika@inta.gob.ar

Macroptilium lathyroides, leguminosa nativa subtropical, presenta potencial como verdeo estivo-otoñal para zonas ganaderas desafiantes del norte. En especies con vaina dehisciente, la dinámica floral y de la dehiscencia, son determinantes para la producción de semillas y los procesos de domesticación. El objetivo fue caracterizar la variabilidad del germoplasma de *M. lathyroides* en fenología reproductiva y dehiscencia. Se evaluaron 28 accesiones del Banco de Germoplasma "Ing. José Alonso" (FCA-UNL), incluyendo los cv australiano Murray y local Mancebo-UNL, durante un ciclo de crecimiento en la EEA Reconquista, con 40 plantas por accesión en 2 bloques (DBCA). Semanalmente se registraron inicio (IF) y fin de floración (FF); además, semanalmente, sobre 9 inflorescencias por accesión y repetición se contabilizaron frutos maduros y dehiscentes. Se analizaron IF, FF, longitud (LF) y el promedio del ratio de frutos dehiscentes/maduros por semana en los meses desde inicio a fin de floración (RDM1, RDM2 y RDM3). Los datos se analizaron mediante ANAVA, test de Tukey ($p < 0,05$), corr. de Pearson y medidas repetidas en RDM, utilizando Infostat. IF ($p < 0,0001$) y LF ($p = 0,0023$) difirieron significativamente entre acc., permitiendo diferenciar cuatro grupos de precocidad (temprana, intermedia-temprana, intermedia-tardía y tardía) y tres de duración (corta, intermedia y larga). Además, IF y LF presentaron una correlación negativa moderada-fuerte ($r = -0,66$; $p = 2,7 \times 10^{-87}$): cuanto más tardío fue el inicio de floración, menor fue su duración. Para RDM no hubo diferencia entre accesiones ($p > 0,05$). Se concluye que IF y LF son variables confiables para clasificar accesiones y orientar decisiones agronómicas en *M. lathyroides* permitiendo anticipar la duración de la floración a partir de su inicio.

GMV 25

EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE ACCESIONES DE *Lotus japonicus* L. MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Espasandín F.^{1,2}, M. Álvarez², M. L. Pérez^{1,2}, P.

Sansberro^{1,2}.¹Instituto de Botánica del Nordeste – CONICET;

²Facultad de Ciencias Agrarias – UNNE. Corrientes, Argentina. fabidanil@gmail.com

El género *Lotus* (*Fabaceae*) comprende diversas especies de interés agronómico, ecológico y científico. Entre ellas, *L. japonicus* se ha consolidado como una especie modelo para el estudio de la genómica de las leguminosas debido a su reducido tamaño genómico (470 Mb), su corto ciclo de vida (2–3 meses) y su elevada producción de semillas. La disponibilidad de la secuencia completa de su genoma la convierte en una herramienta robusta para investigación. Existen accesiones de laboratorio importantes de *L. japonicus* que se han convertido en referencia a nivel mundial. Si bien pertenecen a la misma especie, seleccionamos dos accesiones denominadas Miyakojima MG20 y MG1, que presentan rasgos morfológicos muy diferentes, con el fin de evaluar su diversidad genética mediante el uso de marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Para dicha evaluación, se realizó la extracción de ADN de parte aérea de ambas accesiones con el método CTAB. Luego se seleccionaron 5 marcadores ISSR para detectar el polimorfismo. Como resultado, se obtuvieron un total de 31 bandas. De ellas, 21 bandas (67,7%) fueron compartidas entre ambas accesiones, MG1 y MG20, mientras que 10 bandas (32,3%) fueron polimórficas. El índice de similitud de Jaccard fue de 0.677, indicando una similitud genética moderada entre ambas accesiones. Además, encontramos diferencias en mecanismos fisiológicos en la tolerancia a sequía entre dichas accesiones. Basándonos en la existencia de 15 accesiones diferentes, las caracterizaciones moleculares y fisiológicas existentes, aún resultan insuficientes.

GMV 26

RESTENCIA AL PULGÓN VERDE DE LOS CEREALES (*Schizaphis graminum*) EN MATERIALES ARGENTINOS DE TRITICALE

Tacaliti M.S., E. Tocho, F. Bongiorno, L. Saldúa, A. Lodeiro.

Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. mstacaliti@gmail.com

El triticales (x *Triticosecale* Wittmack) es un híbrido intergenérico entre el trigo y el centeno, utilizado como pastura de invierno y como doble propósito (pastoreo y grano). Existen escasos antecedentes del comportamiento de las variedades regionales frente al daño realizado por los áfidos, en particular por el pulgón verde de los cereales (*Schizaphis graminum* Rondani), una de las principales plagas insectiles que constituye un problema recurrente para la producción de cereales. El objetivo del trabajo consistió en identificar variedades resistentes al pulgón verde mediante la prueba de antixenosis. Para ello, se evaluaron 15 cultivares de triticales provenientes del INTA EEA Bordenave, dispuestos en bloques al azar en condiciones controladas de luz y temperatura. La antixenosis se determinó mediante la prueba de libre elección de hospedero, la cual consiste en evaluar la preferencia por parte del insecto entre diferentes genotipos para satisfacer sus necesidades de alimentación, reproducción o protección sobre los mismos. Se encontraron diferencias significativas entre los genotipos evaluados ($F=10,83$; $g.l.=14$; $p=0,0001$). En base al número final de áfidos contabilizados en cada genotipo, se observó un comportamiento variado, habiendo resultado moderadamente resistentes los genotipos HB90INTA, Barbol INTA y ONA INTA. Esto sugiere la presencia de mecanismos de resistencia antixenótica que modula el comportamiento del insecto en estos genotipos. Los resultados contribuyen a identificar a los mejores materiales para su inclusión en los programas de mejora genética.

GMV 27

MARCADORES SSR ASOCIADOS A QTLS DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN TRIGO (*Triticum aestivum* L.)

Cuyeu A.R.^{1,2}, J. Vrdoljak³, S.O. Obregón³, C.P. Randazzo³, J.C. Salerno^{1,4}, M.F. Pergolesi², F. Sacco², M.J. Dieguez², L.R. Ingala².

¹Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón, Argentina;

²Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF), INTA

Hurlingham, Argentina; ³Universidad de Morón, Argentina;

⁴Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad del Salvador (USAL). cuyeu.alba@inta.gob.ar

La roya de la hoja del trigo, causada por *Puccinia triticina*, es una de las enfermedades más importantes que afectan la producción de *Triticum aestivum* L. a nivel mundial, provocando reducciones significativas del rendimiento. En este contexto, el desarrollo de cultivares con resistencia genética representa una estrategia sustentable y de alto impacto para el manejo de esta enfermedad. La variedad Buck Poncho ha demostrado resistencia durable a roya de la hoja durante largos períodos de tiempo, aunque los mecanismos genéticos asociados no han sido completamente caracterizados. Estudios previos en una población de 93 líneas recombinantes endogámicas (RILs), derivadas del cruzamiento Buck Poncho × Purplestraw, permitieron identificar genes de resistencia y QTLs localizados en los cromosomas 2B y 3A, entre otros. En este trabajo se evaluaron marcadores microsatélites (SSR) diseñados en regiones cercanas a los QTLs de los cromosomas mencionados, con el objetivo de identificar aquellos polimorfismos que resulten convenientes para su utilización en procesos de selección asistida por marcadores. Los resultados evidencian diferencias en la eficiencia de detección de polimorfismo entre ambas regiones genómicas, sugiriendo variabilidad en el nivel de información genética disponible en torno a cada QTL. En particular, el QTL del cromosoma 3A mostró una mayor proporción de marcadores informativos en relación con el total evaluado. Los marcadores polimórficos identificados serán posteriormente validados en la población de RILs para determinar su ligamiento con los QTLs de resistencia a roya de la hoja. Este avance constituye una base relevante para el desarrollo de herramientas de selección asistida y su aplicación en programas de mejoramiento genético de trigo orientados a incrementar la resistencia a enfermedades fúngicas.

GMA

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

ANIMAL GENETICS AND BREEDING

GMA 1

REPRODUCCIÓN DE ABEJA REINA MEDIANTE INSEMINACIÓN ARTIFICIAL, COMO HERRAMIENTA DE PERFECCIONAMIENTO GENÉTICO

Perez Magri, V. A.¹, A.D. Santucho^{1,2} ¹Facultad de Agronomía y Agroindustrias, Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE-FaYA); ²Dirección General de Agricultura y Ganadería, Ministerio de Producción, Recursos Naturales, Forestación, Tierras y Ambiente de Santiago del Estero, Argentina. vaninaperez099@gmail.com

La mejora genética de *Apis mellifera* mediante inseminación artificial constituye una herramienta estratégica para mejorar características de interés apícola, como la productividad, docilidad y resistencia sanitaria de las colonias, frente a los desafíos actuales de la apicultura. El objetivo fue comparar la capacidad de postura y carga espermática de reinas inseminadas artificialmente y reinas fecundadas de forma natural. La investigación se desarrolló en los apiarios didácticos experimentales de la Escuela de Agricultura, Ganadería y Granja de la Facultad de Agronomía y Agroindustrias de la Universidad Nacional de Santiago del Estero. Se aplicó el método Doolittle para la crianza de reinas y la técnica de inseminación artificial de Mackensen y Ruttner. Los resultados evidenciaron una carga espermática de 5.066.000 de espermatozoides en las reinas inseminadas artificialmente, mientras que las reinas fecundadas naturalmente presentaron una carga de 5.183.000 de espermatozoides, observándose una diferencia entre ambos. La menor carga espermática observada en las reinas inseminadas artificialmente podría asociarse a factores de manejo posinseminación, como el confinamiento temporal y la interacción con las obreras. Se concluye que, bajo las condiciones de este ensayo, las reinas inseminadas artificialmente presentaron una menor carga espermática promedio respecto de las fecundadas naturalmente, sin embargo, esta diferencia no resultó estadísticamente significativa. Estos resultados permiten considerar la inseminación artificial como una alternativa viable dentro de las estrategias de manejo reproductivo.

GMA 2

POLIMORFISMOS RELACIONADOS A TERNEZA EN CARNE DE CERDO MEDIANTE ESPECTROSCOPÍA DEL INFRARROJO CERCANO POR TRANSFORMADA DE FOURIER Y REDES NEURONALES

Rodríguez V.R.¹, Barragán R.M.², Mendoza C.¹, Cepeda L.¹, Fabre R.³, Lagadari M.¹. ¹Laboratorio GenBio, Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER; ²Laboratorio GenBio, Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER; ICTAER (UNER-CONICET); ³Laboratorio LIC, Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER. Concordia, Entre Ríos, Argentina. viviana.rodriguez@uner.edu.ar

En cerdos, los polimorfismos RYR1^{C1843T}, CAST^{G872A} y CAST^{Ser638Arg}, favorecen la producción de carnes pálidas blandas y exudativas y afectan la terneza. La espectroscopía de infrarrojo cercano por transformada de Fourier (FT-NIR) constituye una herramienta rápida y de bajo costo para la evaluación fenotípica. El objetivo de este trabajo fue ajustar modelos de clasificación que integren parámetros de calidad y composición estimados mediante FT-NIR con los polimorfismos, empleando redes neuronales y validación externa mediante un conjunto de datos independiente, para clasificar carnes para su destino comercial. Se evaluó calidad y composición y genotipificaron 95 cerdos mediante PCR-RFLP. Se obtuvieron espectros, registrándose 128 escaneos por muestra, por duplicado. Se desarrollaron y validaron modelos predictivos para cada parámetro de cada genotipo. El efecto de los polimorfismos sobre los parámetros se evaluó mediante ANOVA de una vía, seguido del test LSD ($\alpha = 0,05$). Para comparar los valores estimados mediante espectroscopía NIR y los obtenidos por técnicas analíticas tradicionales, se realizó una prueba t de Student para muestras pareadas ($\alpha = 0,05$). Se identificaron patrones espectrales asociados con cada genotipo. Una red neuronal probabilística alcanzó precisiones de clasificación del 89,17 % para RYR1, 96,75 % para CAST^{G872A} y 74,24 % para CAST^{Ser638Arg}. Estos resultados respaldan el uso combinado de FT-NIR y redes neuronales como estrategia para identificar carnes portadoras de polimorfismos de interés económico y favorecer su aplicación en la línea de faena.

GMA 3

INTERACCIÓN ENTRE LAS PROPORCIONES RACIALES Y EL ESTRÉS TÉRMICO SOBRE LA VELOCIDAD DE CONCEPCIÓN EN HEMBRAS CRUZAS HOLANDO X JERSEY

Vera M.¹, L. Franco¹, M. Maciel², M. Pece¹, E. Salado¹, L. Romero¹.

¹Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA Rafaela – INTA);

²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral. Argentina. vera.milba@inta.gob.ar

Para un buen desempeño reproductivo, es necesario comprender cómo actúan las hembras cruzas ante variaciones ambientales moderadas. Con el objetivo de evaluar el efecto del estrés térmico y las proporciones raciales sobre la velocidad de concepción en vaquillonas y vacas, se analizaron registros reproductivos de vaquillonas (817) y vacas (508) más Holando (+H: >50% Holando), más Jersey (-H: <50% Holando) y F1 (50% Holando y 50% Jersey). Se ajustaron modelos de supervivencia Weibull con un enfoque bayesiano (INLA) para evaluar el impacto del número de días con índice de temperatura y humedad superior a 68° (ITH>68) en los 30 días previos al servicio. Los modelos incluyeron efectos de manejo, fisiológicos y de interacciones bioclimáticas, controlando los efectos del año y animal. En vaquillonas se detectaron normas de reacción disímiles: las F1 mostraron susceptibilidad al incremento de días con ITH>68 (beta= -0,026), las -H resultaron ser las más estables y las +H presentaron una pendiente positiva (+0,027) debido a un marcado efecto estacional de primavera. Las vacas mostraron homogeneidad entre los tres grupos raciales. En vacas la velocidad de concepción estuvo dominada por otros efectos, tales como los productivos; el número de partos ejerció una fuerte penalización (beta= -0,559). Los resultados sugieren que, en el marco de un manejo estratégico de los servicios en bloques, el estado de lactancia actúa igualando las vacas con distintas proporciones raciales, mientras que en vaquillonas la constitución racial expresa respuestas diferenciales al ambiente estacional.

GEDU

GENÉTICA Y EDUCACIÓN

GENETICS AND EDUCATION

GEDU 1

FACTORES QUE INFLUYEN EN EL CURSADO DE GENÉTICA PARA AGRONOMÍA

Di Santo H., E. Castillo, M.F. Grossi Vanacore, B. Huppi, M. Macagno, V. Molinero, L. Cordera, N. Ledesma, L. Petroni, E. Grassi. Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina. egrassi@ayv.unrc.edu.ar

La adquisición de saberes implica el resultado del proceso de enseñanza-aprendizaje, que depende de múltiples factores. Genética para Ingeniería Agronómica, UN-Río Cuarto, incluye clases teóricas, teórico-prácticas, seminarios, laboratorio y campo. El desempeño en el cursado se monitorea mediante Instancias Integradoras de Seguimiento (IIS), tres evaluaciones parciales y un integrador para promoción. Al final del cursado se solicita que los estudiantes respondan una encuesta (EF). El objetivo de este trabajo fue analizar las respuestas de EF y su relación con el desempeño. La EF fue respondida voluntariamente por 98 de 163 estudiantes que obtuvieron la regularidad en 2024 y 2025. Los estudiantes se agruparon según desempeño en P1 (promovidos nota mayor a 8,5; n=22), P2 (promovidos nota entre 7 y 8, n=40) y R3 (estudiantes regulares; n=36). Las respuestas mostraron una tendencia generalizada a mayores valores en P1 y P2 con respecto a R3, sin embargo, no hubo diferencias significativas entre grupos con relación a la asistencia a clases de consulta, lectura previa de los temas, al uso de libros, artículos y páginas web. P1 reveló hacer un mayor uso de la IA como apoyo al aprendizaje. Se observaron diferencias en cuanto al porcentaje de asistencia a clases teóricas ($p=0,0011$), teórico-prácticas ($p=0,0191$), seminarios ($p=0,0006$) e IIS ($p=0,0004$). Cabe destacar que no hubo recursantes en P1. La EF permitió identificar factores que influyen en el desempeño de los estudiantes durante el cursado y que pueden ser abordados para mejorar el proceso de enseñanza-aprendizaje.

GEDU 2

TERAPIA CON BACTERIÓFAGOS: ¿QUÉ SABEMOS SOBRE SU EFECTIVIDAD EN HUMANOS?

Rodríguez, A.B.¹; A. del Canto¹; T.R. Serra¹; L.E. López^{1,2}; C.P. Randazzo^{1,3}. ¹Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, B1708 Morón; ²Fundación Instituto Leloir e Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Buenos Aires (IIBBA-CONICET) CABA; ³Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT, INTA-CONICET), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. agustinabrodriguez98@gmail.com

En el contexto educativo actual, la formación universitaria exige estrategias que trasciendan la mera adquisición de conocimientos y fomenten el análisis crítico de la literatura científica. Este trabajo describe una experiencia áulica basada en la revisión bibliográfica de bacteriófagos como agentes terapéuticos frente a patógenos multirresistentes. La actividad fue desarrollada por estudiantes de 5.º año de la Licenciatura en Genética de la Universidad de Morón, quienes realizaron una búsqueda bibliográfica en PubMed y Google Scholar. La selección de la bibliografía se realizó considerando publicaciones científicas correspondientes a los últimos tres años, priorizando aquellas relacionadas con el uso de bacteriófagos como agentes terapéuticos. A partir de los trabajos seleccionados, los estudiantes analizaron su potencial terapéutico, sus limitaciones y su interacción con el sistema inmune. El análisis de 20 publicaciones científicas evidenció que la eficacia de la terapia fágica está condicionada por la interacción entre las características del fago, la especificidad del patógeno y las condiciones fisicoquímicas del entorno. Si bien los resultados confirman su alto potencial clínico, la variabilidad observada subraya la necesidad de profundizar en los protocolos de seguridad y eficacia. Finalmente, esta experiencia permitió a los estudiantes consolidar conocimientos técnicos y desarrollar competencias esenciales en la búsqueda, selección, lectura crítica, análisis e integración de información científica.

GEDU 3

DE PD-1/PD-L1 A CRISPR-CAS9: ESTRATEGIAS DE MODULACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE EN CÁNCER. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Rodríguez, L.¹, P.S Gueller¹, M.D. Gómez¹, F. Pantuso¹, A.R. Cuyeu^{4,5}, C.P. Randazzo^{1,3}, L.E. Lopez^{1,2}. ¹ Escuela superior de ciencias naturales y exactas, Universidad de Morón, Morón, Buenos Aires; ² Fundación Instituto Leloir e Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Buenos Aires (IIBBA-CONICET) CABA; ³ Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT, INTA – CONICET), Hurlingham, Buenos Aires; ⁴ Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón; ⁵ Instituto de Genética (IGEAF), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham. lucrerodriguez@unimoron.edu.ar

La inmunoterapia oncológica ha avanzado mediante la modulación de los puntos de control inmunitario (*checkpoints*). El eje PD-1/PD-L1 es fundamental para la regulación de linfocitos T y la tolerancia periférica. Aunque el bloqueo de esta vía con anticuerpos monoclonales restaura la actividad antitumoral, presenta limitaciones como resistencia, efectos adversos y variabilidad clínica. En paralelo, la tecnología CRISPR-Cas9 surge como una alternativa innovadora que permite la edición específica del gen *PDCD1* en linfocitos T para potenciar su respuesta contra neoplasias. En el marco de una experiencia de formación universitaria, un grupo de tres estudiantes del último año de la Licenciatura en Genética de la Universidad de Morón, realizaron una revisión bibliográfica comparativa entre CRISPR-Cas9 y anticuerpos monoclonales, con el objetivo de desarrollar competencias para la búsqueda y lectura crítica de bibliografía científica en PubMed y Google Scholar. Se seleccionaron diez publicaciones recientes, analizando y debatiendo sus principales hallazgos, comparando ambas estrategias. Se concluyó que ambos enfoques son complementarios: mientras los anticuerpos monoclonales ofrecen control y reversibilidad, la edición génica mediante CRISPR-Cas9 constituye una intervención permanente, aunque con retos en especificidad y seguridad biológica. Pedagógicamente esta actividad permitió profundizar en mecanismos de regulación inmunológica y fortalecer competencias en búsqueda, selección, lectura crítica, análisis, síntesis y comunicación de información científica.

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**