

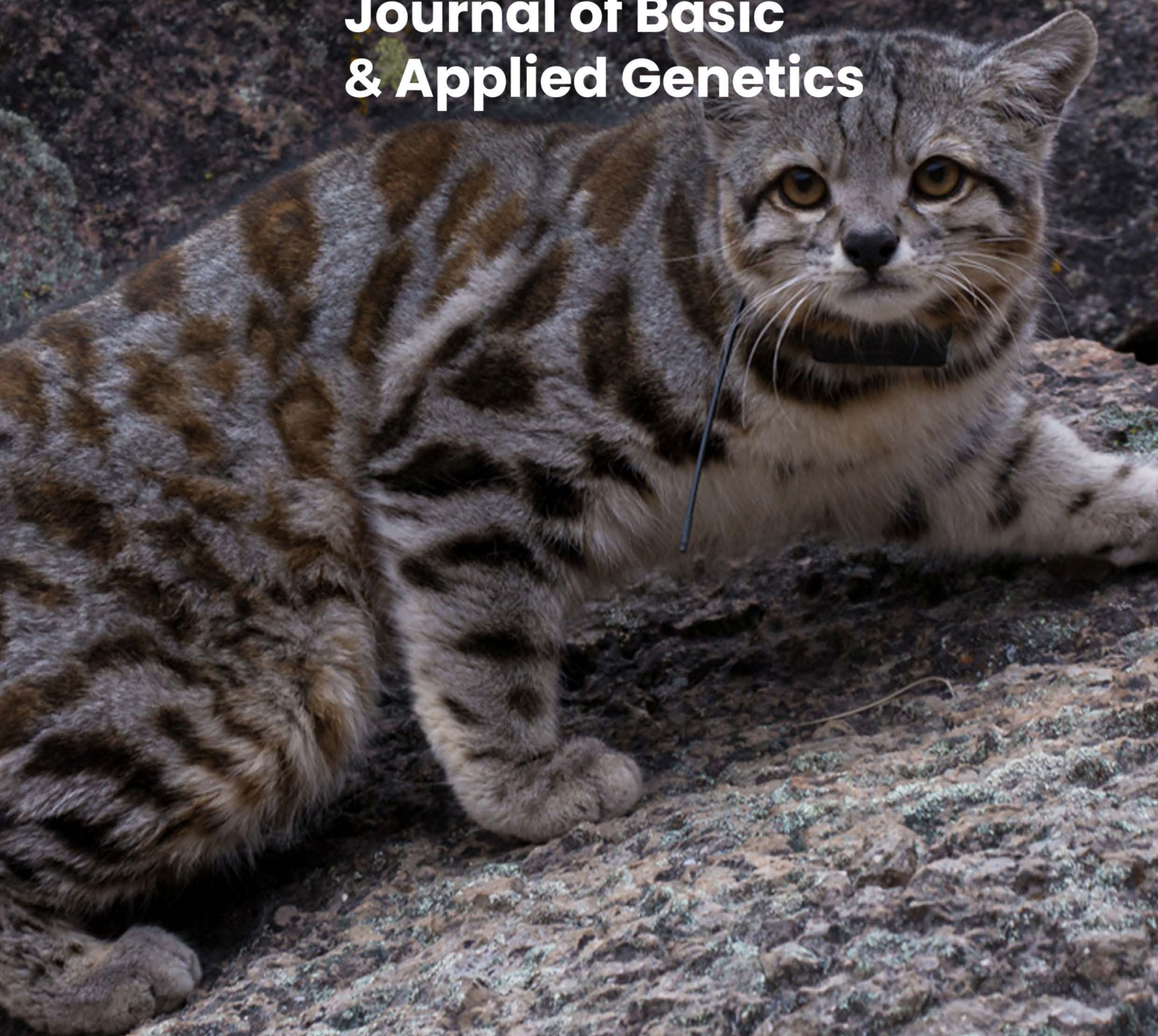
(Formerly MENDELIANA)



July 2019
Volumen XXX
No. 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina

BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXX - No. 1 (suppl.)

October 2019

Included in:



Cited by:





ALAG
MENDOZA,
ARGENTINA **2019**

**La arquitectura
del genoma:
su expresión en
los fenotipos
y las poblaciones**

6 AL 9 DE OCTUBRE DE 2019

**XVII CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
XLVII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA
LII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE
VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA
V CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA HUMANA
V SIMPOSIO LATINOAMERICANO DE CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN**

Organizadores



V SLACE

RECURSOS GENÉTICOS Y PRE-MEJORAMIENTO DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.)

Poverene M.¹. ¹Universidad Nacional del Sur, Argentina. poverene@criba.edu.ar

El pre-mejoramiento recupera diversidad genética disponible en parientes silvestres y otros materiales no domesticados para ampliar la base genética de los cultivos. El girasol es nativo de América del Norte, donde existen unas 50 especies del género *Helianthus*, anuales y perennes. El banco de germoplasma silvestre creado por USDA-ARS comprende más de 2500 entradas. Distintas especies silvestres han contribuido factores de androesterilidad y genes de restauración, resistencia a enfermedades y pestes, resistencia a herbicidas imidazolinonas y sulfonilureas y tolerancia a salinidad, ya incorporados a las líneas élite. En Argentina, donde dos especies silvestres se han naturalizado, hemos encontrado entre esos materiales tolerancia a bajas temperaturas y déficit hídrico, tolerancia a enfermedades, resistencia al virus del moteado clorótico (SuCMoV) e interesantes variantes en la composición de aceites del grano. Optimizar el uso de recursos para pre-mejoramiento requiere de investigación sobre la ecología, relaciones cromosómicas y moleculares de las especies de *Helianthus* y su relación con el girasol domesticado, ya que es el genoma de los recursos silvestres el que será utilizado para mejoramiento, no su fenotipo. La creciente disponibilidad de información en bases de datos y las nuevas tecnologías (minería, edición genómica y otras) permitirán la transferencia más eficiente de nuevos caracteres al girasol cultivado.

DEVELOPING AN ALFALFA GWAS-POPULATION FOR UNDERSTANDING GENETIC COMPLEXITY OF DROUGHT TOLERANCE IN MEDITERRANEAN ENVIRONMENTS

Inostroza L.¹, C. Ovalle¹, A. Del Pozo¹, S. Espinoza¹, V. Barahona¹, M. Gerding¹, A. Humphries². ¹Chile; ²Australia. covalle@inia.cl

The alfalfa breeding program of INIA-Chile aims to develop drought tolerant populations for rainfed environments. Molecular markers have revolutionized plant breeding as a powerful tool for genetic dissection of complex traits, such as drought tolerance, and for selection of favorable alleles through marker-assisted selection. The objective of this study was to characterize phenotypically under Mediterranean field condition an alfalfa diversity panel for developing a genetic-suitable genome wide association studies (GWAS) population. Seventy alfalfa populations provided by the Global Crop Diversity Trust Program were established in two experiments in Cauquenes Research Station of INIA-Chile (35° 57' S, 72° 19' W). Experiments were managed under irrigated and rainfed conditions. Alfalfa populations are originally from 16 countries and they belonged to the subsp. *sativa* (62%), *× varia* (35%) and *coerulea* (3%). Dry matter production and spectral reflectance indices were evaluated during two growing seasons. A phenotypic linear mixed model was implemented for estimating the Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) of genotypic values. The 25 high-yielding population across environment and growing seasons were selected. All they belonged to the subsp. *sativa*. Ten genotypes from each population were randomly selected and cloned. Finally, a GWAS population including 250 genotypes was successfully developed.

GERMPLASM COLLECTING: FILLING THE GAPS ON CROP WILD RELATIVES IN EX SITU COLLECTIONS IN BRAZIL

Medeiros M.¹. ¹Embrapa, Brazil. marcelo.brilhante@embrapa.br

There are approximately 10,000 species of crop wild relatives (CWR) in the world that may be considered of high potential value to agriculture and most of these species may be threatened by human disturbances such as climate change. The project approaches was linked to a long-term and global effort to collect, conserve and use of CWR. Furthermore, there is a need to identify regions of occurrence of CWR that are missing in the representativeness of existing Brazilian gene bank collections. The objectives of this work included: identification of gaps for the collection and the inclusion in *ex situ* collections for the CWR of potato, sweet potato, rice and finger millet naturally distributed in Brazil, doing a gap analysis based on updated information of natural distribution of the species and updated information on representativeness in Embrapa genebanks; collecting accessions of these CWR and make the deposits of the collected accessions at Embrapa genebanks. The gap analysis included the following steps: determination of targeted species and collected areas; determination of deficits of collections in the taxon level; development of models for potential spatial

distribution for the taxa and evaluation of geographic cover; identification of environmental gaps; definition of priorities for germplasm collection. The collecting strategies were carried out based on the gap analysis outputs and methods for seed and botanical collecting. In total, the expeditions collected 174 herbarium samples and 174 accessions.

ESTUDIO DE LAS ZONOSIS VIRALES EMERGENTES Y REEMERGENTES EN AMÉRICA

Coordinador: García J.B.^{1,2}. ¹INEVH, Argentina; ²UNNOBA, Argentina. jorgebgarcia@gmail.com

Hoy en día las zoonosis representan un gran porcentaje de las enfermedades emergentes descritas en numerosos países. Ellas constituyen el origen de pérdidas económicas considerables debido a los altos costos que producen a nivel de la salud humana y animal. El estudio de las zoonosis, más allá de su valoración en términos de su morbilidad y mortalidad, implica también generar y ofrecer alternativas viables para su detección y atención desde una perspectiva integral, que más allá de una casuística, considere sus determinantes. Esto implica poseer un mayor conocimiento sobre la estructura genética de los patógenos, sus mecanismos de proliferación y su ciclo vital. Con respecto a sus huéspedes y vectores, es imprescindible una correcta identificación a nivel molecular de las especies implicadas, su evolución y dispersión territorial. Esto permitiría, sobre bases más reales, aspirar a alcanzar logros más significativos en cuanto a su control, prevención y erradicación. El impacto en Latinoamérica de las arbovirosis emergentes y agentes transmitidos por roedores ha sido relevante en las últimas décadas y muy importante los avances logrados mediante la aplicación de las tecnologías que proveen las técnicas moleculares. Este simposio presenta experiencias en la región de grupos de trabajo con logros significativos que comprenden desde el diseño de una nueva herramienta de diagnóstico a una mejora en la detección y caracterización de los agentes virales circulantes, sus relaciones filogenéticas y su filodinamia.

HERRAMIENTAS MOLECULARES UTILIZADAS ACTUALMENTE PARA LA VIGILANCIA Y CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE ARBOVIRUS EN ARGENTINA

Fabbri C.I. ¹INEVH, Argentina. cintiafabbri@yahoo.com.ar

Los arbovirus particularmente los transmitidos por mosquitos, son amenazas sanitarias cada vez más importantes y se propagan rápidamente a nivel mundial. Existen múltiples arbovirus predominantemente de genoma RNA pertenecientes a distintas familias y géneros (*Flaviviridae*, *Flavivirus*, *Togaviridae*, *Alphavirus*, etc). Diversos arbovirus de importancia sanitaria han sido detectados en Argentina: Fiebre Amarilla, Encefalitis de San Luis, West Nile, Dengue, Zika y Chikungunya, entre otros. El algoritmo de diagnóstico etiológico para estos agentes involucra metodologías moleculares y serológicas, siendo las moleculares aplicadas en el período agudo de la enfermedad. Dependiendo del diseño, los métodos moleculares tienen la ventaja de brindar la especificidad que muchas veces la serología no puede ofrecer principalmente en las infecciones secuenciales por distintos *Flavivirus*. Las técnicas de RT-PCR son las que han tenido mayor desarrollo, en un principio las de punto final y actualmente las de tiempo real (formato singleplex o multiplex), son las más utilizadas debido a que presentan mayor sensibilidad y especificidad. Las metodologías de punto final continúan siendo en la actualidad una herramienta utilizada para abordar la secuenciación genómica total o parcial con el objetivo de caracterizar genéticamente las cepas circulantes, mediante análisis filogenéticos que permiten distinguir entre genotipos y linajes y contribuir a la epidemiología molecular de éstos agentes. Además las técnicas con un diseño genérico nos permiten realizar la vigilancia y detección de nuevos agentes.

MOBILE REAL TIME GENOMICS OF ARBOVIRUSES IN BRAZIL

Alcantara L.I. ¹Fundação Oswaldo Cruz, Brazil. alcantaraluiz42@gmail.com

To gain insights into the timing, source and likely route(s) we performed the complete genome sequencing