

GPE

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

GPE 1

**CONSANGUINIDAD Y AGRUPAMIENTOS
POBLACIONALES EN BASE AL MÉTODO
ISONÍMICO EN EL NORESTE ARGENTINO**

Barrios P.E., J.E. Dipierri^{1,2}, E. Alfaro^{1,2}. ¹Instituto de Biología de Altura, Universidad Nacional de Jujuy, Argentina; ²Instituto de Ecoregiones Andinas, UNJu-CONICET, Argentina.
pablosecreounacuenta@gmail.com

Los apellidos constituyen un recurso metodológico esencial de la genética de poblaciones humanas porque permiten tener una visión global de su comportamiento genético y demográfico. Para determinar la estructura genético-demográfica del Noreste Argentino se utilizaron los apellidos de 1.795.570 individuos empadronados en las provincias de Chaco, Corrientes, Formosa y Misiones (Padrón Electoral 2001) para calcular la consanguinidad por isonimia al azar y, a partir de la distribución espacial, construir matrices de distancias isonímicas y correlacionarlas con las geográficas e identificar barreras potenciales en la distribución de apellidos. Los resultados indican que a nivel provincial Corrientes presenta mayor consanguinidad (0,001401), y Misiones la más baja (0,00073). A nivel departamental, las poblaciones más consanguíneas se ubican en la periferia de la región, por fuera de los polos de desarrollo socioeconómico y en territorios de difícil establecimiento como el oeste de Chaco-Formosa. Se encontró correspondencia entre la localización de aislados genéticos regionales y los departamentos de alta consanguinidad. A partir de la correlación significativa entre las distancias isonímicas euclídea y de Nei con la geográfica (0,438 y 0,51 respectivamente) se identificó aislamiento por distancia. Los agrupamientos departamentales más relevantes y las barreras detectadas guardan coherencia con las características geográficas y con la heterogeneidad del desarrollo demográfico, económico y vial de la región.

GPE 2

**ADAPTACIÓN Y COADAPTACIÓN
DE GENES RELACIONADOS CON
PIGMENTACIÓN DE PIEL Y VITAMINA D EN
POBLACIONES NATIVAS AMERICANAS**

Missaggia B.O., G. Reales¹, V.C. Jacovas¹, C. Couto-Silva², G. Cybis¹, T. Hünemeier², M.C. Bortolini¹. ¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil; ²Universidade de São Paulo, Brasil.
maria.bortolini@ufrgs.br

La adaptación humana a la radiación ocurre básicamente por selección en genes relacionados con la vitamina D y la pigmentación de la piel. El objetivo de este trabajo fue evaluar si hay señal de que un conjunto de variantes comunes en esas dos vías sufrieron adaptación y/o coadaptación en poblaciones nativas americanas que habitan diferentes regiones y que tienen distintos hábitos de dieta. Utilizamos datos de chip, preseleccionando SNPs en 16 genes (8 relacionados a la vitamina D y 8 a la pigmentación) en 333 individuos de 33 poblaciones. Para probar la coadaptación, aplicamos un método de redes que mide la interacción a través de un cálculo de desequilibrio del ligamiento. Comparamos las frecuencias alélicas y la frecuencia de individuos con las interacciones alélicas mostradas por las redes, entre categorías poblacionales relacionadas con la incidencia de radiación y la variación en la disponibilidad de vitamina D en la dieta. Aplicando la prueba exacta de Fisher con corrección FDR, encontramos diferencias estadísticamente significativas en diversos SNPs, así como en combinaciones alélicas que sugieren interacción. El resultado principal es la interacción entre los alelos (rs3740164/C y rs750358/T) de genes de las distintas vías (CUBN y OCA2, respectivamente) que difiere en frecuencia ($p=0,044$) entre categorías con diferentes hábitos de dieta. Estudios funcionales son necesarios para comprobar nuestros hallazgos, que pueden ser un primer indicio de adaptación y coadaptación en estas dos vías en poblaciones autóctonas de América.

ALLELE-SPECIFIC DETECTION AND QUANTIFICATION OF DNA MIXTURES BY INDEL QPCR

Rodrigues M.L.B.¹, A.S.P. Brazorotto¹, M.D. Santos¹, C.E.V. Wiezel¹, J.F.G. Souza¹, M.C.T. Canas¹, A.L. Pimentel¹, A.M. Ng¹, A.L. Simões¹.
¹Departamento de Genética, FMRP/USP, Brasil.
 m.rodrigues91@gmail.com

Situations in which there is a mixture of DNA from different lineages in the same solution are common in the forensic area and in some medical areas such as organ or hematopoietic cells transplants and fetal DNA (cffDNA) in maternal blood during pregnancy. The detection and dosage of these mixtures are a constant challenge due to the unbalanced amounts of each sample contributor, generating unequal amplification and possible stochastic events in the PCR. Usually the STR-PCR technique followed by CE is used, which requires several statistical analyses. Some techniques such as ddPCR or MPS may present higher sensitivity but also higher cost. The use of allele-specific primers of indels allows greater ease and accuracy in the detection and dosage of mixtures by qPCR, since there is no competition of the different DNAs by primers. This work proposes the standardization of 10 indel loci allele-specific primers to detect and dose DNA mixtures by qPCR and shows the technique application in the cffDNA plasma of informative parturients, *i.e.*, homozygous parturients with heterozygous newborns. Population and forensic analysis showed high values of heterozygosity (0.33 to 0.55), PIC (0.27 to 0.37), PE (0.14 to 0.19) and PD (0.49 to 0.62), indicating high variability and informativeness of these loci, considering that they are biallelic. The primers showed adequate efficiency and specificity in the analysis of mixtures, detecting quantities as low as 0.01 ng of DNA in the solution. Thus, new primers have been described that bring new perspectives in the analysis of DNA mixtures.

HUELLAS DE PROCESOS SELECTIVOS RECIENTES EN EL GENOMA DE PUEBLOS ORIGINARIOS DEL EXTREMO SUR DE CHILE

Pezo P.¹, M. Moraga^{1,2}, R. Verdugo^{1,3}, M.L. Parolin⁴. ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ²Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ³Departamento de Oncología Básico-Clinica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ⁴Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.
 patricio.udec@gmail.com

Desde la llegada de los europeos, ha existido una reducción en las poblaciones Nativas Americanas relacionada con variados factores que incluyen guerras, cambios sociales y la masiva introducción de patógenos de origen europeo. De acuerdo a esto, muchas poblaciones originarias muestran evidencia de selección positiva, incluyendo resistencia a patógenos asociado con la región HLA. Este trabajo tiene como objetivo inferir el escenario demográfico durante el mestizaje y buscar señales de selección asociado a este contacto. Para esto, se analizaron 74 individuos pertenecientes a distintas poblaciones descendientes de cazadores recolectores de la Patagonia para un total de 800.000 SNPs. Se calculó la ancestría local sobre el genoma y TRACTs para inferir el tiempo de mezcla inicial. Las señales de selección fueron inferidas a partir del mapeo genómico de ancestría. Los resultados muestran que cada genoma tiene, en promedio, tres ancestros nativos americanos por cada ancestro europeo. El mestizaje se inició hace 11 generaciones, circa 275 años AP, sin importantes flujos migratorios posteriores. Los análisis de selección revelan una región de origen nativo en el cromosoma 6 asociado con los genes HLA. Nuestros resultados indican un proceso de mestizaje tardío respecto a lo ocurrido en el centro del país, junto a una fuerte selección que favoreció alelos de origen nativo relacionados con la respuesta inmune frente a epidemias posteriores a la conquista. Estos segmentos los podemos ver hoy en día en las poblaciones de la Patagonia.

GPE 5

A COMPREHENSIVE STUDY OF THE GENETIC STRUCTURE OF THE ACONCAGUA VALLEY USING UNIPARENTAL AND AUTOSOMAL MARKERS

Orellana M.¹, M. Moraga^{1,2}. ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile; ²Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Chile.
antropomolecular@gmail.com

Archaeological studies in the Aconcagua Valley suggest the coexistence of two different cultural areas: North and South riverside of the Aconcagua River. In addition, the existence of the Aconcagua River eventually acted as a natural barrier to the flow of people. In this study, we evaluated the existence of genetic differences between the current populations of the Aconcagua Valley given the cultural and ecological context in which they have been developed. We obtained sequences of the mtDNA Control Region and ancestry informative SNPs (AIMs) from 142 and 113 individuals, respectively. The results of F_{st} based mtDNA analysis, showed significant genetic differences between North and South riverside of the Aconcagua River. However, the results of the autosomal markers, specifically PCA does not show the genetic structure found by mitochondrial DNA analysis. But DAPC (Discriminant Analysis Principal Components) found a slight genetic differentiation of one population with respect to the others populations of the Aconcagua Valley. Both, mitochondrial DNA and ancestry informative markers analysis, show signal of genetic differentiation, but just mtDNA found genetic differences between North and South riverside of the Aconcagua Valley. Spanish post-conquest demographic events may have diluted any pre-Columbian genetic differentiation, and/or informational ancestry markers would not be able to distinguish a local genetic difference. Increasing the number of autosomal markers would improve the capacity to distinguish the genetic differentiation sought.

GPE 6

GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN DE UN PANEL DE ANCESTRÍA Y RIESGO GENÉTICO EN 2000 PARTICIPANTES DEL PROYECTO CHILEGENÓMICO

Retamales Ortega R.M.¹, C. Yáñez¹, E. Tobar Calfucoy¹, M. Cuevas¹, M.L. López¹, P. González¹, J. Segura¹, K. Álvarez², H. Verdejo³, J.F. Miquel³, P. Krall⁴, V. Maracaja Coutinho⁵, L. Cifuentes¹, R. Verdugo¹. ¹Programa de Genética Humana del ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ²Clínica Las Condes, Santiago; ³Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; ⁴Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ⁵Laboratorio de Bioinformática Integrativa, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago.
rmretama@gmail.com

La población chilena tiene ancestrías europea, africana y amerindia. Esta última se descompone mayormente en mapuche y aimara, en proporciones que varían según latitud y estrato socioeconómico. Sin embargo, se desconoce si esto tiene relevancia para la salud pública. El objetivo de este estudio fue desarrollar un protocolo de genotipificación por secuenciación de SNPs de ancestría y riesgo para evaluar si ancestría y riesgo están asociados para enfermedades prevalentes en Chile. Se seleccionaron 167 AIMs y 159 SNPs de riesgo para parkinson, enfermedad coronaria, coleditiasis, hígado graso, falla renal diabética, diabetes mellitus tipo 2 y cáncer de mama, gástrico y colorrectal mediante consulta a expertos, consulta al GWAS Catalog ($OR > 1,2$ y $p < 3 \times 10^{-8}$) y revisión de la literatura. Las muestras fueron genotipificadas mediante el protocolo de GT-Seq y secuenciadas en un NextSeq 550. Se obtuvieron genotipos para 281 SNPs en 2000 participantes de ChileGenómico con una concordancia de 0,98 para 147 SNP previamente genotipificados por PCR KASPar y microarreglos Axiom. Se calculó un puntaje de riesgo poligénico (PRS) sumando el $\ln(OR)$ de cada alelo de riesgo que porta una persona para todos los SNP de un enfermedad. La ancestría amerindia estuvo positivamente correlacionada con el PRS de hígado graso, la europea con falla renal y enfermedad coronaria. La mapuche es factor protector contra diabetes mellitus 2 y la aimara contra cáncer colorrectal y de mama. La ancestría debería ser considerada en futuros estudios de asociación y en políticas de salud pública.

MODELO DE TRES POBLACIONES TIPO DE LA REGIÓN NORTE DEL CONTINENTE SUDAMERICANO: LA CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LAS POBLACIONES HUMANAS COLOMBIANAS

Mogollón Olivares F.¹, A. Tunjano Montoya¹, A. Casas Vargas¹, W. Usaquén Martínez¹. ¹Grupo de Genética de Poblaciones e Identificación, Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia, Colombia. mfmogollono@unal.edu.co

Colombia, al norte del continente sudamericano es un país de gran interés en estudios genéticos poblacionales debido a su alta diversidad étnica y cultural. Diversidad representada por sus 87 pueblos indígenas, poblaciones afroamericanas, el pueblo ROM o gitano y 13 familias lingüísticas. En el presente estudio se realizó un análisis de estructura poblacional de la región norte del continente desde una interpretación histórica, geográfica y genética, siguiendo una línea de análisis que abarca la genética descriptiva, cuantitativa y análisis multivariado que involucra variables socioculturales, demográficas y genéticas obtenidas a través de la aplicación de una encuesta. Dichos análisis resultaron en un modelo de estructura genética de las poblaciones humanas colombianas a través de 15 marcadores autosómicos STR de uso convencional en estudios de filiación y genética forense que evaluaron el aporte bilateral presente en 1198 individuos, pertenecientes a seis comunidades indígenas, dos afrodescendientes y cinco comunidades de ancestrías múltiple del país. Los resultados concuerdan con trabajos de poblamiento suramericano previamente realizados con diferentes marcadores genéticos mostrando tres poblaciones tipo de origen nativo americano, afrodescendiente, y de ancestría múltiple.

POLIMORFISMOS DE LOS GENES COX1, CYP2C19 Y ITGB3 EN POBLACIÓN DEL CENTRO DEL VALLE DEL CAUCA, COLOMBIA

Rojas Puerta M.¹, P. Fontal Vargas¹, A. Fernández Sánchez¹, L. Beltrán Angarita¹. ¹Unidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia. lbeltran@uceva.edu.co

El tratamiento antiplaquetario doble con clopidogrel y aspirina es el estándar de atención actual en el tratamiento de pacientes con enfermedad arterial coronaria (EAC) y síndrome coronario agudo (SCA). La variabilidad en respuesta a estos agentes antiplaquetarios puede deberse a la diversidad genética subyacente de los polimorfismos de los genes COX1, CYP2C19 y ITGB3 que se consideran un importante factor asociado a la predisposición de no respuesta al tratamiento. Nos propusimos determinar las frecuencias alélicas y genotípicas de los polimorfismos de los genes COX1, CYP2C19 y ITGB3 en una muestra representativa de la población del Centro del Valle del Cauca, Colombia. Se incluyeron 100 individuos no emparentados procedentes del Centro del Valle del Cauca, se realizó la genotipificación de los polimorfismos CYP2C19*2, CYP2C19*3, PIA1/A2 (rs5918) del gen ITGB3 y -842A>G del gen COX-1, mediante PCR Real Time, utilizando sondas TaqMan (Applied Biosystems). Las frecuencias genotípicas encontradas se encuentran en equilibrio de HW ($p > 0,05$). Las frecuencias de los genotipos polimórficos fueron: *2 (GG 75%, GA 23%, AA 2%), PIA1/A2 (CC 76%, CT 19%, TT 5%). El polimorfismo CYP2C19*3 no fue encontrado en la población estudiada. Las frecuencias alélicas y genotípicas encontradas en la población estudiada, fueron similares a lo informado por la literatura científica en países como Brasil, México y Colombia.

GPE 9

LA HISTORIA FAMILIAR DE SEIS COMUNIDADES WAYUU COMO PRIMERA HERRAMIENTA PARA LA INVESTIGACIÓN GENÉTICA

Puentes Perez C.J.¹, A.C. Rubio Vargas¹, M.E. Bohórquez Lozano¹, Á.M. Carracedo Álvarez², L.G. Carvajal Carmona³, M.M. Echeverry De Polanco¹. ¹Grupo de Citogenética, Filogenia y Evolución de Poblaciones, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia; ²Fundación Pública Galega de Medicina Xenómica (SERGAS)-CIBERER, Universidad de Santiago de Compostela, España; ³Genome Center, Department of Biochemistry and Molecular Medicine, School of Medicine, University of California, Davis, USA. puentescarlosjavier@gmail.com

La Wayuu es una de las 84 etnias registradas en Colombia; de las aproximadamente 270.143 personas que la conforman, según el DANE 2005, el 98%, habita la península de la Guajira. El objetivo de este trabajo (en desarrollo) es establecer la diversidad genética de 6 comunidades Wayuu (Calabazo, Amuruluba, Kurrillamana, Samutchon, Tolichen y Pasajerau), tipificando ~700.000 SNPs y analizando, por métodos documentales, moleculares y estadísticos la estructura familiar, sociodemográfica y genética, frecuencias alélicas, distancias genéticas, índices de consanguinidad y patrones de mestizaje. Se presentan resultados preliminares de la parte documental del estudio de las 249 personas que donaron muestras de sangre, las entrevistas, consentimientos informados respectivos y 74 familiogramas analizados parcialmente, con base en la información documental. Los avances de los análisis, evidencian lazos familiares entre las comunidades y una organización definida por clanes matriarcales, de los cuales los más representativos son: Epinayu, Epiayu, Epieyu, Uriana, Ipuana y Pushaina (con 83, 33, 33, 48, 38, y 30 individuos, respectivamente, además de 58 personas nacidas en comunidades diferentes). Los grados de parentesco entre las comunidades generan consanguinidad y carga genética, que por su posible impacto en la salud de la población, se analizarán en la fase molecular y poblacional. Se espera complementar la información de la parte documental del trabajo con nuevas entrevistas ya estructuradas de tipo familiar, demográfico y socioeconómico.

GPE 10

HISTORIA GENÉTICA DE LOS COSTARRICENSES

Morera Brenes B.¹. ¹Universidad Nacional, Costa Rica. bernal.morera@gmail.com

La población de Costa Rica es producto de la amalgama de grupos ancestrales por el proceso de mezcla que comenzó en el siglo XV con la colonización española. Tal proceso ha dejado huellas en una estructura genética compleja, tanto a nivel regional como individual. Los análisis de marcadores genéticos han permitido determinar la magnitud de la mezcla acumulada. A nivel poblacional, las proporciones de genes de origen europeo, amerindio y africano rondan un 60%, 30% y 10%, respectivamente. Se registra alguna variación a nivel regional, sobre todo en el componente africano. En algunas regiones adquiere relevancia además un cuarto componente de origen chino. Por su parte, los análisis de ADNmit, nos permiten explorar los patrones de herencia estrictamente materna. Los resultados globales muestran la existencia de un patrón de mezcla asimétrico (amerindio > europeo > africano), donde la ancestría matrilineal indígena americana es mayoritaria. Además, el análisis detallado que algunas genealogías históricas/genéticas corrobora que el proceso de mezcla empezó desde la primera generación mestiza. Asimismo, los avances tecnológicos asociados con los microarreglos de ADN nos permiten ahora estudiar cientos de miles de marcadores SNPs nucleares por persona. Esto ha hecho posible estimar, con un grado de precisión sin precedente, las proporciones de mezcla en forma individual. Es relevante mencionar la presencia de herencia norte africana, judía sefardita, británica, e incluso vikinga en algunos de los costarricense. La calidad de las bases de referencia es aún un problema.

TRAS LAS HUELLAS GENÉTICAS DE LOS NEANDERTALES Y DENISOVANOS EN AMÉRICA LATINA

Guevara Francesa G.¹, W.D. Montero Duran¹, B. Morera Brenes¹.

¹Universidad Nacional de Costa Rica, Costa Rica.

giu234.gf@gmail.com

Los neandertales eran un grupo de homínidos arcaicos que ocuparon la mayor parte de Europa y partes de Asia occidental hace 300.000 años. Simultáneamente, coexistió otro grupo arcaico, los “denisovanos”, cuyos primeros restos fósiles fueron encontrados en Siberia y el Tíbet. Estos deben haber vivido en un rango geográfico y ecológico extraordinariamente amplio, desde Siberia hasta el Asia tropical. Los humanos modernos coexistieron y evolucionaron en el sur o en el este de África y se dispersaron desde allí al resto del mundo, donde se encontraron con dichos grupos de arcaicos hoy extintos. Los adelantos en la secuenciación, genotipado y el análisis de los genomas de los pueblos modernos y restos antiguos han facilitado una serie de avances en conocimiento y comprensión de nuestra historia evolutiva. La comparación previa de la secuencia del genoma de Neanderthal con genomas de varios humanos modernos concluyó que aquellos hicieron una pequeña contribución (1-4%) al conjunto de genes de todas las poblaciones no africanas. Por otro lado, se ha encontrado que la ascendencia denisovana se concentraba en las poblaciones modernas de Nueva Guinea, Australia, Eurasia oriental y de los nativos americanos. Aquí evaluamos la mezcla arcaica en la historia humana, con un énfasis particular en el análisis de la herencia ancestral de los latinoamericanos, quienes recibieron alelos neandertales tanto a través de sus ancestros ibéricos como de los indígenas. Por el contrario, recibieron alelos denisovanos a partir de la herencia asiática de dichos indígenas americanos.

TRAZANDO LA HISTORIA GENÉTICA DE LOS “CAÑARIS” DE ECUADOR Y PERÚ A TRAVÉS DE MARCADORES UNIPARENTALES

Sandoval J.R.^{1,2}, D.R. Lacerda², M.S.A. Jota², P. Robles Ruiz³, P. Danos¹, C. Paz Miño⁴, S. Wells⁵, F.R. Santos², R. Fujita¹. ¹Centro de Investigación de Genética y Biología Molecular (CIGBM), Instituto de Investigación, Facultad de Medicina, Universidad de San Martín de Porres, Lima, Perú; ²Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular (LBEM), Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil; ³Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador; ⁴Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad Tecnológica Equinoccial, Quito, Ecuador; ⁵Department of Integrative Biology, University of Texas at Austin, Austin, TX, USA. jsandovals@usmp.pe

A través de marcadores genéticos uniparentales (cromosoma Y, mtDNA), el presente estudio traza los rastros genéticos de los “cañaris”, tanto de la Provincia de Cañar (Ecuador) como la de Ferreñafe (Perú). Según las crónicas, durante las campañas de Túpac Yupanqui y su hijo Huayna Cápac, muchas familias de la región Cañar habrían sido trasladadas como mitimaes a varios lugares del Tawantinsuyu, y entre ellas se asocia particularmente a la comunidad quechua hablante de Kañaris (altitud de 2421 m.s.n.m.), ubicada en el departamento de Lambayeque, Perú. No obstante, otras familias de los Andes centrales también habrían sido llevadas a un sitio cercano de Kañaris, denominado Inkawasi (altitud de 3078 m.s.n.m.). Prueba de ello, próximo a las comunidades Kañaris-Inkawasi se encuentra un caserío, El Ingaño Grande, ex campamento Inca, que perdura hasta la actualidad. Ese escenario explicaría las mencionadas toponimias, pero aún hay controversia sobre si esos relatos serían ciertos o no. Luego de las comparaciones genéticas, los resultados por línea paterna indican que los individuos de Cañar no comparten haplotipos Y-STR con los de la comunidad Kañaris, inclusive ni con los de Inkawasi. En cambio, se detectaron algunos cañaris ecuatorianos asociados a las poblaciones de Cajamarca, Chivay (Arequipa), Cusco y Lago Titicaca; observación que es consistente con los registros coloniales. Por otra parte, por línea materna, con excepción de un haplotipo compartido por el linaje D1 entre Cañar y Kañaris, no se observan otras vinculaciones genéticas recientes entre ambas poblaciones.

GPE 13

SEX CHARACTERIZATION USING THREE MOLECULAR MARKERS IN HUMAN REMAINS OBTAINED FROM ARCHAEOLOGICAL SITES FROM LAMBAYEQUE, PERU

Soplapuco Vilchez Rodriguez V.J., J.V.W. Cachay Wester^{1,2}, C.E. Wester La Torre^{1,2}, L.A. Rodríguez Delfin¹. ¹Perú; ²Perú.
vannysoplapucoll39@gmail.com

Lambayeque is located in the northern coast of Peru and was an important socio-political center for ancient pre-Inca civilizations like Moche, Sipan, Sican and Lambayeque. Three ancient empires (Chimu, Wari and Inca) used these lands to control the exchange of agricultural products through the coast. However, molecular studies in human remains from archaeological sites have been poorly accomplished. To investigate more about sex frequencies in the mortuary excavations and to establish a reliable protocol to molecular sex characterization of human remains, we sought to study three markers from chromosomes X and Y in ancient DNA obtained from three archaeological remains from Lambayeque. Twenty-three aDNA samples were used to perform molecular characterization. Three loci from sexual chromosome (Amel X/Y, SRY-a, b) were used to characterize DNA samples. The molecular characterization was performed by PCR and amplified sequences were analyzed by non-denaturing 6% polyacrylamide gel. Our results showed that sixteen samples were successfully characterized by using three molecular markers. Of those, nine (31%) were female and seven (69%) were male. In addition, 22% of the samples showed undetermined characterization due to ambiguous results for two or three markers and two samples did not amplify. We concluded that our aDNA extraction method and molecular characterization of sex loci are truly satisfactory since more than the fifty percent of the samples were correctly characterized. We infer that there is not an exclusive mortuary event in the analyzed excavations.

GPE 14

ANÁLISIS GENÉTICOS POBLACIONALES EN POBLACIONES ARGENTINAS DE *Aspidosperma quebracho-blanco* SCHLTDL. (APOCYNACEAE)

Almirón N.E.A.^{1,2}, S.A. Fernández^{1,2}, G.A. Robledo Dobladez^{1,2}, V.G. Solís Neffa^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Argentina; ²FACENA-UNNE, Argentina.
emiliaalmiron@yahoo.com.ar

El avance de la frontera agropecuaria ha provocado la fragmentación y degradación del bosque chaqueño. Para implementar prácticas eficientes de conservación y manejo sustentable del bosque remanente es fundamental contar con información sobre la variabilidad genética de las especies leñosas. En este contexto, se analizó la variabilidad y estructura genética de 20 poblaciones argentinas de *Aspidosperma quebracho-blanco* empleando AFLP. Las 4 combinaciones de cebadores seleccionadas detectaron 505 loci. El PLP presentó un valor medio de 49,39% y la He promedio 0,199. El análisis bayesiano con GENELAND reveló tres grupos genéticos (K=3), correspondientes a las poblaciones del centro-oeste del área de la especie (GI), las Sierras cordobesas (GII) y el NEA (GIII), respectivamente. El AMOVA indicó que la mayor parte de la variabilidad se encuentra contenida dentro de los grupos genéticos ($Rho_{ST}=0,086$; $p=0,00$). Asimismo, el análisis de la variabilidad genética y las características del paisaje y el ambiente mostró que las poblaciones del GI, situadas en el área de mayor probabilidad de ocurrencia de la especie, presentaron menor variabilidad genética respecto de las de los grupos GII y GIII situadas en las áreas de probabilidad media o baja. Además, se identificaron ocho barreras al flujo génico concordantes con los elementos del paisaje. Estos resultados sugieren que en *A. quebracho-blanco* existirían, al menos, tres grupos genéticamente diferenciados que deberían ser considerados en los planes de conservación, manejo sustentable y restauración de los bosques del Gran Chaco.

RELACIONES ENTRE LA VARIABILIDAD GENÉTICA ACTUAL DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *cebil* (LEGUMINOSAE) Y LOS EVENTOS CLIMÁTICOS HISTÓRICOS DE SUDAMÉRICA

Escalada M.C.^{1,2}, M.E. Barrandeguy^{1,3,4}, A.L. Goncalves^{1,3,4}, M.V. Garcia^{1,3,4}. ¹Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; ²Becaria EICyT-UNaM, Argentina; ³Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM-CONICET), Argentina; ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

Pese a la falta de hielo en tiempos glaciares en el Neotrópico, se asume que los cambios climáticos históricos influyeron sobre la distribución y la evolución de las distintas especies que lo habitan. *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (Leguminosae, Caesalpinioideae) es una especie forestal nativa sudamericana y ha sido propuesta como la más paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales. Presenta una distribución actual disyunta, cuyos fragmentos podrían ser vestigios de un área más amplia y continua en el pasado. El objetivo del presente trabajo fue trazar el pasado demográfico-histórico de *A. colubrina* var. *cebil* en Argentina a partir de la cantidad y distribución de la variabilidad genética actual. Se analizaron siete loci microsatélites nucleares en 192 individuos de *A. colubrina* var. *cebil* localizados a lo largo de su distribución en nuestro país. Se analizó la diversidad genética, la estructura genética y se propusieron escenarios evolutivos que luego fueron testados mediante *Approximate Bayesian Computation* (ABC). A partir de los resultados, se propone un tiempo aproximado de divergencia entre los fragmentos de distribución de la especie coincidente con el Pleistoceno temprano y el Pleistoceno medio confirmando los posibles efectos de los cambios climáticos históricos sobre el extremo Sur de la distribución de *A. colubrina* var. *cebil*.

DINÁMICA HISTÓRICA DE LOS BOSQUES SECOS ESTACIONALES NEOTROPICALES: FRAGMENTACIÓN PREVIA AL LGM Y EXPANSIÓN HISTÓRICA DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *cebil*

Barrandeguy M.E.^{1,2,3}, A. Zerda Moreira^{1,4}, M.C. Escalada^{1,4}, A.L. Goncalves^{1,2,3}, M.V. Garcia^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM-CONICET), Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ⁴Becaria EICyT-UNaM, Argentina.
ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Los Bosques Secos Estacionales Neotropicales presentan una distribución disyunta quedando representados, en Argentina, por dos áreas (núcleos): Misiones en el Noreste y Pedemontano Subandino en el Noroeste. Mediante un análisis filogeográfico de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*, especie más paradigmática de estos bosques, se analizaron los efectos de las fluctuaciones climáticas pasadas sobre su distribución histórica. Se genotipificaron 119 y 192 individuos, mediante tres loci cpSSRs y siete loci nuSSRs, respectivamente. Se caracterizó su diversidad genética para ambos marcadores y se analizó su estructura genética y filogeográfica. Se implementó una aproximación basada en modelos coalescentes para testear escenarios demográficos que expliquen los patrones genéticos observados. Los nuSSRs revelaron mayor diversidad genética y menor estructura genética en comparación a los cpSSRs concordando con las características de ambas genomas y los sistemas de dispersión de polen y semillas de la especie. La estructura filogeográfica determinada y los eventos demográficos comprenden el último ciclo glacial, la divergencia entre núcleos habría ocurrido durante el Cuaternario previo al último máximo glacial (*Last Glacial Maximum* - LGM) y luego cada fragmento habría experimentado una expansión. Los datos sugieren que los ciclos climáticos del Cuaternario han influido sobre la evolución de las poblaciones de *A. colubrina* var. *cebil* permitiendo predecir cambios similares en los bosques que habita.

GPE 17

DIVERSIDAD GENÉTICA EN CULTIVARES DE PECÁN (*Carya illinoensis*)

Lannutti L., M.C. Soldati^{1,2}, N. Aguirre¹, V.B. Pulido¹, F.S. Pantuso^{1,3}.
¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, Argentina; ²INTA; ³Departamento de Tecnología, Universidad de Luján, Argentina.
 llannutti@hotmail.com

El pecán (*Carya illinoensis*), es un árbol frutal autóctono de Estados Unidos y el norte de México, propagado a todo el mundo dada su importancia comercial. En Argentina, fue introducido en el siglo XIX, y desde entonces su cultivo se ha difundido, pasando de ornamental a un negocio potencial. Su nuez tiene un alto valor nutricional, es antioxidante y poco perecedera. La producción se inicia entre los 5 y 7 años. Para garantizar los genotipos deseados se recurre a viveros comerciales. No obstante, se ha reportado variabilidad no esperada dentro de los cultivares. El objetivo fue identificar individuos a partir de su material genético y la variabilidad en los cultivares. El muestreo se realizó en 95 ejemplares de 17 variedades. Se realizó la desecación del material y extracción de ADN siguiendo el protocolo Hoisington y amplificado por PCR con 6 primers SSR. El análisis de los patrones de amplificación de las muestras, permitió realizar estimaciones de diversidad y estructura genética. Actualmente se encontraron 8 alelos diferentes mediante el uso de 2 SSR, a partir de los cuales se desprendieron parámetros descriptivos tales como, el número de alelos efectivos ($N_e=1,894$), Heterocigosis observada ($H_o=0,345$), e insesgada ($uH_e=0,269$). Al estudiar la distancia y/o similitud genética existente entre los individuos de las diferentes variedades, fue posible detectar agrupamientos genéticos para 4 de ellas. En conclusión, se logró poner a punto 6 marcadores y evaluar niveles de diversidad genética de 84 muestras de pecán mediante 2 SSR.

GPE 18

COMPARATIVE TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF *Eugenia uniflora* L. (MYRTACEAE) SHED LIGHT ON ITS EVOLUTIONARY ADAPTATION IN HETEROGENEOUS ENVIRONMENTS

Souza Neto J.D.D.¹, N. Moreira Veto¹, F. Lino Guzman², F. Rodrigues Kulcheski³, F. Salgueiro⁴, R. Margis^{1,2,5}, A.C. Turchetto Zolet¹.
¹Postgraduate Program in Genetics and Molecular Biology (PPGBM), Department of Genetics, Bioscience Institute, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil; ²Centre of Biotechnology, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil; ³Postgraduate Program in Cellular and Developmental Biology, Department of Cell Biology, Embryology and Genetics, Federal University of Santa Catarina (UFSC), Brazil; ⁴Department of Botany, Federal University of Rio de Janeiro State (UNIRIO), Rio de Janeiro, Brazil; ⁵Department of Biophysics, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil.
 jdassneto@gmail.com

The use of genomic data has allowed us a better understanding of adaptive and neutral genetic variation at the population level in a spatially explicit context. These data can be used to the identification of loci responsible for or associated with local adaptations. Comparative transcriptomic analyses of wild populations can help to understand the molecular basis of environmental factors responses. *Eugenia uniflora* L. (Myrtaceae) is a native species from Atlantic Forest (AF), growing in distinct environments. Population and phylogeographic studies showed the presence of divergent lineages correlated with geographic distribution in distinct environment for this species. Thus, the local adaptation probably is an important drive of species evolution and diversification. In this study, we performed comparative transcriptome analysis among individuals of *E. uniflora* from distinct environments. A total of 12 libraries including plants from two distinct environments (restinga and riparian forest) were sequenced. The differential expression analysis revealed a total of 598 genes differentially expressed, being 260 upregulated and 338 downregulated when riparian forest vs. restinga were compared. Genes involved in oxidative, heat and osmotic stress response were more expressed in plants from restinga than those from riparian forest. The RNA-seq data allow the identification of 10848 SNP markers. The results give us some insights about adaptation process in this species and will be useful to better understand its evolutionary history.

GENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE OF *Cenostigma microphyllum* (LEGUMINOSAE) IN CAATINGA USING CHLOROPLAST MICROSATELLITES

Aecyo P.¹, T. Esposito¹, E. Ribeiro², A. Marques³, B. Huettel⁴, I. Leal⁵, A. Pedrosa Harand¹. ¹Laboratory of Plants Cytogenetics and Evolution, Department of Botany, Federal University of Pernambuco (UFPE), Recife, Pernambuco, Brazil; ²University of Pernambuco (UPE), Petrolina, Pernambuco, Brazil; ³Laboratory of Genetic Resources, Institute of Biologic Sciences and Health, Federal University of Alagoas (UFAL), Arapiraca, Alagoas, Brazil; ⁴Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany; ⁵Laboratory of Plant-animal Interaction, Department of Botany, Federal University of Pernambuco (UFPE), Recife, Pernambuco, Brazil. pauloaecyo_1997@hotmail.com

Caatinga represents the Seasonally Dry Tropical Forests in Brazil and presents high levels of biodiversity and endemism. This domain suffers from anthropogenic disturbances but little is known about the effects of these disturbances on the genetic diversity of its species. The aim of this work was to access the genetic diversity and structure of *Cenostigma microphyllum* (Mart. Ex G. Don) E. Gagnon & G.P. Lewis, an endemic species from this region, in preserved and disturbed areas of Catimbau National Park, Brazil. Leaves of 152 adult and young individuals were collected in eight plots in a disturbance gradient. After DNA extraction, six plastid microsatellites loci were amplified. PCR products were genotyped on an ABI 3500 Genetic Analyzer and the data was analyzed with *GeneMarker*, *Network* and *Haplotype* softwares. Fourteen haplotypes were obtained, 10 of which were private from different plots. The haplotype network revealed three main groups, one consisting of haplotypes present only in two eastern plots. There were no significant differences in haplotype richness or genetic diversity between young and adults individuals. No correlation was observed between these indices and the disturbance level of the plots. The structure observed suggests low seed dispersion between the plots, compatible with the autochoric dispersion of the species. Altogether, the cpSSR data highlight a high level of genetic diversity and structure, indicating that *C. microphyllum* presents resilience to the anthropogenic disturbances in the Catimbau National Park.

ESTRUCTURA FAMILIAR EN UN FRAGMENTO POBLACIONAL DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* (LEGUMINOSAE): ANÁLISIS DE DISTANCIAS GENÉTICO-ESPACIALES ENTRE INDIVIDUOS

Goncalves A.L.^{1,2,3}, M.V. García^{1,2,3}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET), Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

La formación de estructuras familiares producto de dispersión alélica restringida regula la distribución no aleatoria de genotipos en el espacio. Se analizó un fragmento poblacional de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (Leguminosae) en la reserva Campo San Juan (Misiones, Argentina). Se genotipificaron 60 adultos y 59 renovales mediante ocho loci microsatélites nucleares. Se determinó la estructura familiar a partir de la probabilidad de cada par adulto-renoval de ser asignado a grupos progenitor-progenie (PP) y la probabilidad de cada par de adultos o de renovales de ser asignado a grupos de medio-hermanos (HS) o hermanos completos (FS). Se identificaron dos pares de PP con una distancia euclidiana promedio $d=112$ m entre ellos. En cuanto a la detección de individuos asignados a grupos de hermanos, en adultos, un par de FS y cinco pares de HS fueron identificados ($d=166$ m). En renovales, cinco y 14 pares de individuos estuvieron involucrados en relaciones de FS y HS, respectivamente. En renovales el rango de distancias varió entre ~1 y 15 m entre FS ($d=7,5$ m), mientras que la distancia entre HS estuvo comprendida en un rango más amplio y varió entre 4 y 264 m ($d=78$ m). La estructura familiar se caracterizó por renovales emparentados agrupados en el espacio, pudiendo ser resultado de dispersión alélica restringida, explicada por la dispersión autocórica de semillas y la dispersión de polen mediada por insectos pequeños con cortas distancias de vuelo, además de una marcada correlación genética entre semillas de un mismo fruto o frutos del mismo árbol madre.

GPE 21

ESTRUCTURA Y VARIABILIDAD GENÉTICA ESPACIAL DE POBLACIONES DE *Elaeis oleífera* (KUNTH) CORTÉS EN LAS REGIONES ANDINA Y CARIBE DE COLOMBIA

Fontalvo P.P.^{1,2}, M. Rodríguez², E. Daza¹, S. Marchant², I.M. Ayala¹, C. Montoya¹, H.M. Romero¹. ¹Programa de Mejoramiento Genético de la Palma de Aceite, Centro de Investigación para la palma de aceite – CENIPALMA, Colombia; ²Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. cmontoya@cenipalma.org

El género *Elaeis* pertenece a la familia Arecaceae y está compuesto por la palma americana *Elaeis oleífera* (Kunth) Cortés y la palma africana *Elaeis guineensis* (Jacq). Aunque *E. guineensis* es la especie de palma más utilizada para la producción de aceite en Colombia, su rendimiento se ve afectado por enfermedades como la pudrición del cogollo. Sin embargo, híbridos del cruzamiento de *E. oleífera* y *E. guineensis* muestran resistencia/tolerancia a esta enfermedad, lo que establece a *E. oleífera* como un importante recurso para programas de mejoramiento genético. Este estudio evaluó la diversidad y estructura genética espacial de poblaciones de *E. oleífera* colectadas en 24 municipios de las regiones Andina y Caribe de Colombia. Análisis de 16 loci microsatélites en 280 individuos identificaron poblaciones fuera del equilibrio de Hardy-Weinberg por déficit de heterocigotos y la presencia de alelos nulos. La riqueza alélica varió con la distribución geográfica, siendo menor en San Pelayo, Córdoba (1,86) y mayor en Cimitarra, Santander (4,21). Se observaron diferencias entre pares de poblaciones que correspondieron parcialmente a ecorregiones de Colombia. Estos resultados fueron reflejados en análisis de inferencia Bayesiana y análisis DCPA que persistieron aun después de remover el efecto de alelos nulos. Aunque los patrones de diversidad y estructura genética observados en este estudio son útiles para la creación de bancos de germoplasma y el diseño de estrategias de conservación para esta especie, se recomienda el uso de marcadores SNPs para confirmar estos resultados.

GPE 22

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Cecropia pachystachya* TRÉCUL

Pilati L¹, A.L. Gaglioti¹, P.R. Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil. laurapilati@hotmail.com

Cecropia pachystachya Trécul, conhecida popularmente como embaúba, é uma planta típica da Mata Atlântica. Esta espécie desempenha um importante papel ecológico servindo de alimento e abrigo para inúmeros animais, além de ser pioneira atuando na recuperação de áreas degradadas. Apesar de sua importância, não há na literatura estudos genéticos populacionais para esta espécie. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade e estrutura genética populacional de *C. pachystachya* utilizando marcadores moleculares microsatélites. Dez primers desenvolvidos para *Cecropia insignis* foram utilizados para o estudo de três populações de *C. pachystachya* dos estados do Paraná, São Paulo e Rio de Janeiro. A diversidade genética de Nei e o índice de Shannon apresentaram valores de 0,70 e 1,36, respectivamente. A AMOVA demonstrou que a maior variação (91%) ocorre dentro das populações. O fluxo gênico médio estimado foi baixo (1,19) corroborando com a diferenciação observada ($F_{ST}=0,17$). Estes resultados evidenciam que *C. pachystachya* apresenta elevada diversidade genética e estruturação e baixo fluxo gênico. A alta diversidade pode ser explicada por *C. pachystachya* ser uma planta pioneira, abundante nos espaços em que habita e possuir alta produção de sementes. No entanto, o baixo fluxo gênico e alta diferenciação sugerem que a dispersão das sementes não ocorre a longas distâncias.

VARIABILIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *Psidium guajava* L. (MYRTACEAE)

Bini P.¹, L. Pilati¹, F.L. Zchonski¹, V.F. Veiga¹, G.G. Weber¹, P.R. Da Silva¹.
¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil.
 pamelacamposbini@outlook.com

A goiaba (*Psidium guajava* L.) é uma fruta tropical de elevada importância ecológica e econômica. Na literatura são escassos os estudos genéticos com populações naturais da espécie. O conhecimento da variabilidade de populações naturais é um fator importante no entendimento da biologia da espécie e para estabelecer áreas prioritárias para coleta de germoplasma para uso no melhoramento, bem como para conservação, caso necessário. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade e estrutura genética de populações naturais de goiaba. Sete populações (206 indivíduos) de goiaba coletadas no Brasil (nos estados de Roraima, Maranhão, Ceará, Tocantins, Mato Grosso, São Paulo e Paraná) foram avaliadas utilizando quatro *primers* ISSR (*inter simple sequence repeat*). O índice de Shannon (I) variou de 0,22 na população do Maranhão a 0,37 na do Tocantins e o índice de diversidade de Nei (h) de 0,15 para a população do Maranhão a 0,24 para a do Tocantins. Considerando todas as populações, I foi de 0,45 e h de 0,29 evidenciando baixa diversidade na espécie. A estruturação genética das populações foi muito alta ($G_{ST}=0,32$) e fluxo gênico (1,04) baixo. A variância molecular foi maior dentro das populações (67%) e a análise de coordenadas principais (PCoA) evidenciou que a variabilidade genética da espécie é distribuída de forma desigual entre as populações. A baixa variabilidade e alta estruturação observadas podem estar relacionadas com o sistema reprodutivo misto da espécie, com cerca de 70% de autopolinização, e a grande distância geográfica entre as populações.

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *Achyrocline flaccida* (WEINM.) DC.

Zchonski F.L.¹, P.R. Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil.
 felipe.liss04@gmail.com

Achyrocline flaccida (Weinm.) DC., é uma espécie nativa dos Campos da América do Sul. A espécie está entre as mais utilizadas na medicina popular do Brasil apresentando alto valor social e cultural. Apesar de sua importância, pouco é conhecido da genética da espécie. Neste sentido, este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade e estrutura genética de 10 populações de *A. flaccida* do Sul do Brasil utilizando marcadores ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*). Para o estudo, o DNA genômico de 189 indivíduos foram amplificados utilizando 10 *primers* ISSR. A porcentagem de polimorfismo (98,17%), o índice de diversidade de Shannon (0,47), a diversidade genética de Nei (0,31) indicam alta variabilidade e diversidade genética nas populações de *A. flaccida* estudadas. A AMOVA evidenciou que a maior variabilidade ocorre dentro das populações (78%). O alto valor de estruturação das populações ($G_{ST}=0,35$) pode ser resultado do baixo fluxo gênico ($Nm=0,92$). Grandes áreas agrícolas presentes entre as populações podem estar contribuindo para o isolamento das populações. No dendrograma obtido com as distâncias genéticas de Nei, populações geograficamente próximas mostraram-se geneticamente distantes. A análise Bayesiana evidenciou que a diversidade genética da espécie é melhor explicada quando considerado dois grupos genéticos e estes são geograficamente disrupos, corroborando com o dendrograma. A larga utilização e comercialização das infrutescências com sementes viáveis, pode estar contribuindo para a maior similaridade entre populações de *A. flaccida* distantes geograficamente.

GPE 25

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *Baccharis crispa* SPRENG. (ASTERACEAE)

Kataoka Silva Y.¹, F.L. Zchonski¹, B.S. Silva¹, P.R. Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), Guarapuava, PR, Brasil. yuri.kataoka@hotmail.com

Baccharis crispa Spreng., conhecida popularmente como carqueja, é uma planta herbácea nativa dos campos da América do Sul. É uma espécie medicinal e apresenta importância ecológica por ser pioneira e atuar na manutenção de polinizadores. Apesar da elevada importância, pouco se sabe dos aspectos genéticos da espécie. Estas informações podem ser úteis para o planejamento de exploração e conservação da espécie, caso necessário. Neste sentido, este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética de oito populações naturais de *B. crispa* coletadas no Sul do Brasil. Para as análises moleculares o DNA de 155 indivíduos de oito populações foi extraído e amplificado por PCR (*Polymerase Chain Reaction*) utilizando 15 primers ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*). O polimorfismo de 98,28% dos loci, o índice de Shannon (0,55) e o índice de diversidade de Nei (0,37) indicam alta variabilidade nas populações de *B. crispa* avaliadas. A Análise de Variância Molecular (AMOVA) evidenciou que a maior variação (67%) ocorre dentro das populações. A alta estruturação ($G_{ST}=0,45$) observada é provavelmente resultado do baixo fluxo gênico ($Nm=0,53$). A Análise de Coordenadas Principais (PCoA) e análise Bayesiana evidenciaram que a variabilidade da espécie é melhor explicada quando considerado dois grupos genéticos, sendo um predominante abaixo e outro acima do vale do rio Uruguai. Estes resultados indicam que o vale do rio Uruguai pode ter atuado como uma barreira ao fluxo gênico entre as populações de *B. crispa* do Sul do Brasil.

GPE 26

EFEITO DO TIPO DE USO DA TERRA NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Baccharis crispa* SPRENG.

Silva B.¹, Y. Kataoka Silva¹, F. Liss Zchonski¹, P. Roberto Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Laboratório de Genética e Biologia Molecular Vegetal, Guarapuava, PR, Brasil. bru_santos_silva@hotmail.com

Baccharis crispa Spreng., conhecida como Carqueja é uma herbácea típica dos Campos da América do Sul. É uma espécie pioneira, melífera e de alto valor social e comercial devido as suas propriedades medicinais. Atualmente em várias regiões do Sul do Brasil, os campos nativos foram transformados em áreas agrícolas ou de pastagens. Populações da espécie ainda ocorrem nestas regiões, porém não se sabe qual a condição genética destas. Neste sentido, este trabalho avaliou o efeito do uso da terra na diversidade genética de populações de *B. crispa*. Oito populações, sendo três coletadas em bordas de áreas agrícolas (plantação de milho/trigo/soja) e cinco em áreas de pastagens foram avaliadas utilizando seis marcadores microssatélites. A diversidade genética de Nei das populações de áreas agrícolas foi de 0,12 enquanto nas de áreas de pastagens foi de 0,38. Também, as populações de áreas agrícolas apresentaram o menor valor para índice de Shannon (0,22) quando comparadas com as de áreas de pastagens (0,66). A heterozigosidade esperada foi maior do que a observada nas populações de áreas agrícolas indicando excesso de homozigotos o que não foi observado nas de áreas de pastagens. Estes resultados evidenciam que a transformação de áreas de campos em áreas agrícolas é mais prejudicial às populações de *B. crispa* que a transformação em pastagens. Esta condição está relacionada com a biologia da espécie, a *B. crispa* necessita de mais de seis meses para atingir a fase reprodutiva, porém em áreas agrícolas a terra é revolvida ou as plantas são dessecadas a cada seis meses.

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA EN POBLACIONES NATURALES DE *Paspalum* spp. CON DIFERENTES SISTEMAS GENÉTICOS

Reutemann A.V.¹, M. Schedler¹, A.I. Honfi², E.J. Martínez¹. ¹IBONE (CONICET-UNNE), Argentina; ²Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, IBS (CONICET-UNAM), Argentina. vreutemann@gmail.com

La variabilidad en poblaciones naturales está moldeada por factores ambientales y genéticos. Dentro de los genéticos, el modo de reproducción y el sistema de polinización juegan un rol importante. El objetivo fue evaluar la variabilidad morfo-fenológica en poblaciones naturales de *Paspalum cromyorrhizon* Trin. ex Döll, *P. indecorum* Mez, *P. maculosum* Trin. y *P. pumilum* Nees, y relacionarla con factores genéticos. Se evaluaron 13 variables morfológicas y 2 fenológicas, en 4 poblaciones/especie, de 20 individuos cada una, cultivadas bajo las mismas condiciones ambientales. La variabilidad intra e interpoblacional se estimó mediante análisis de la varianza, de conglomerados y PCA. Se aplicó el Test de Mantel para saber si existe correlación entre distancia genética y geográfica. *Paspalum pumilum* mostró la mayor variabilidad intrapoblacional; mientras que *P. cromyorrhizon* y *P. maculosum* fueron las especies con menor variabilidad intrapoblacional. Por su parte, *P. indecorum* y *P. pumilum* mostraron la mayor y menor variabilidad interpoblacional respectivamente. Las poblaciones 2x sexuales alógamas de *P. indecorum* mostraron mayor variación que las 2x sexuales autógamas de *P. pumilum*. A su vez, las poblaciones de *P. cromyorrhizon* y *P. maculosum* con 2x sexuales y 4x apomícticos facultativos presentaron mayor variación que las 4x apomícticas facultativas puras de *P. cromyorrhizon*. A excepción de *P. pumilum*, las otras especies mostraron correlación entre distancia genética y geográfica.

COSTO BIOLÓGICO DE LA MUTACIÓN *TRP-574-LEU* QUE CONFIERE RESISTENCIA A HERBICIDAS AHAS EN *Raphanus sativus* (NABÓN)

Vercellino R.B.¹, C.E. Pandolfo¹, G. Breccia², M. Cantamutto³, A. Presotto¹. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS) y Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET), Bahía Blanca, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, UNR, CONICET), Zavalla, Argentina; ³INTA, E.E.A. Hilario Ascasubi, Argentina. rbvercellino@cerzos-conicet.gov.ar

Raphanus sativus (nabón), una maleza invasora de los sistemas agrícolas de Sudamérica, ha desarrollado resistencia a herbicidas inhibidores de la enzima acetohidrociácido sintasa (AHAS) debido a la mutación *Trp-574-Leu*. El objetivo de este trabajo fue determinar si la presencia de esta mutación implica un costo biológico. Se utilizaron dos accesiones resistentes (R) con la mutación *Trp-574-Leu*, y cuatro accesiones susceptibles (S), originadas en un amplio rango geográfico del sudeste bonaerense. Se evaluó la actividad enzimática *in vitro* y los caracteres reproductivos bajo condiciones contrastantes de competencia intra e interespecífica, durante 4 estaciones de crecimiento. Las plantas R presentaron una enzima >9000 veces más resistente a metsulfurón-metil e imazetapir, y en ausencia de herbicidas, la actividad AHAS fue 3,2 veces menor, respecto de S. Esto resultó en 22-38 y 21-47% menor número de semillas y rendimiento por planta en las accesiones R respecto a las S a bajo nivel de competencia. En competencia con trigo, individuos homocigotas R produjeron 35-45, 26-47 y 36-53% menor biomasa total seca, número de semillas y rendimiento que sus contrapartes S, a baja y alta densidad de maleza, respectivamente. Nuestros estudios sugieren que la mutación *Trp-574-Leu* impone efectos pleiotrópicos sobre la actividad enzimática y aptitud reproductiva de nabón, que podrían reducir la frecuencia de los alelos resistentes en ambientes sin aplicación de herbicidas.

GPE 29

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE POBLACIONES DE *Brassica rapa* CON RESISTENCIA TRANSGÉNICA A GLIFOSATO E INHIBIDORES AHAS, Y ESTIMACIÓN DEL COSTO BIOLÓGICO

Tillería S.G.¹, N.B. Suárez², C.E. Pandolfo^{1,2}, A.D. Presotto^{1,2}, M.S. Ureta¹.
¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina; ²CERZOS-CONICET, Argentina.
 sofia.tilleria@uns.edu.ar

Brassica rapa (nabo), especie anual perteneciente a la familia de las brasicáceas, es una maleza reconocida alrededor del mundo. Es uno de los antecesores diploides de la colza (*Brassica napus*), de la cual se han obtenido cultivares resistentes a herbicidas, tanto transgénicos como no transgénicos. En Argentina se encuentra prohibido el cultivo de colza transgénica, sin embargo, en 2012 fueron halladas en el sudeste de la provincia de Buenos Aires, poblaciones de *B. rapa* resistentes a la aplicación de glifosato e inhibidores AHAS. En una de estas poblaciones, se comprobó que la resistencia a glifosato era de origen transgénico. El objetivo de este trabajo fue realizar la caracterización molecular de las poblaciones de *B. rapa* resistentes a herbicidas y estimar el costo biológico de dicha resistencia. Se detectó la presencia del transgén GT73 a partir de PCR de uso estándar y de la mutación Trp-574-Leu en la enzima AHAS mediante un marcador CAPS, en dos poblaciones de la provincia de Buenos Aires. Luego, se comparó la viabilidad del polen y la producción de semillas de las poblaciones resistentes a herbicidas junto con cuatro poblaciones susceptibles de distintas regiones agroecológicas del país. Como resultado no se obtuvieron diferencias en la fertilidad masculina y rendimiento medio por planta entre las poblaciones susceptibles y resistentes. Por lo tanto, la presencia tanto del transgen de resistencia a glifosato, como de la mutación Trp-574-Leu no disminuyó la aptitud biológica de las plantas.

GPE 30

CARACTERIZACIÓN Y DIVERSIDAD DE POBLACIONES SILVESTRES BRASICÁCEAS DE LA ARGENTINA

Pandolfo C.E.^{1,2}, J.S. Schneider¹, S.G. Tillería¹, A. Presotto^{1,2}, S. Ureta¹.
¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina.
 cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

Las brasicáceas son una importante familia vegetal que incluye varias especies cultivadas e invasoras. Entre ellas, *Brassica napus* (colza) se destaca por ser la tercera fuente de aceite vegetal a nivel mundial, mientras que *B. rapa* (nabo), además de cultivarse como hortícola, presenta poblaciones silvestres que pueden ser una maleza perjudicial. Se realizaron más de 20 misiones de exploración en la región pampeana argentina, donde se registraron cerca de 50 poblaciones brasicáceas, principalmente *B. rapa*. El objetivo del trabajo fue realizar una caracterización morfológica y molecular de las poblaciones colectadas. En el campo experimental del Dpto. de Agronomía UNS se caracterizaron plantas de un grupo de accesiones de *B. rapa*, *B. napus*, *B. nigra*, *Raphanus sativus* y *Sinapis arvensis*. En 8 poblaciones de *B. rapa* se evaluó la variabilidad genética utilizando tres marcadores microsatélites (BRMS005, BRMS006 y BRMS007). Se encontró un amplio polimorfismo genético entre y dentro de cada población. Las poblaciones silvestres revelaron un mayor número de alelos en comparación con los genotipos cultivados utilizados como control. El primer BRMS006 mostró el mayor polimorfismo y permitió detectar un alelo único en una población. La variabilidad de las poblaciones argentinas de *B. rapa* es alta y los alelos del cultivo se encuentran representados en todas las poblaciones silvestres. La presencia de rasgos morfológicos de formas cultivadas en poblaciones silvestres de *B. rapa* y *R. sativus*, como raíz engrosada o altos niveles de materia grasa en grano, podrían indicar un origen feral.

DIVERSIDAD GENÓMICA DE LAS RAZAS NATIVAS DE MAÍZ DEL NORTE DE ARGENTINA: DE LOS MICROSATÉLITES A LA GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN

Gutierrez Á.¹, M. López², C. Filippi¹, M. Fass¹, A. Puebla¹, J.G. Rivas¹, R. Defacio³, N. Paniego¹, H.E. Hopp¹, V. Lia¹. ¹ABYMO-INTA-CONICET, Argentina; ²Instituto Biomédico de Valencia, España; ³Banco de Germoplasma de maíz, EEA INTA Pergamino, Argentina. lia.veronica@inta.gob.ar

Las razas nativas de maíz constituyen la base de los sistemas agrarios aborígenes del Norte de Argentina y representan un recurso estratégico como fuente de alelos originales para hacer frente a los nuevos desafíos de la agricultura. Estudios previos de variabilidad microsatélite en un conjunto de razas del noroeste y noreste del país revelaron una clara estructuración entre regiones y la existencia de cuatro grupos genéticos principales (maíces andinos, reventadores andinos, harinosos del NEA y reventadores del NEA). A fin de aportar una perspectiva genómica, en este trabajo se utilizaron técnicas de genotipificación por secuenciación para profundizar el conocimiento de los niveles y patrones de distribución de la diversidad de los maíces nativos. El análisis preliminar de individuos representativos de 50 razas permitió identificar un total de 26633 SNPs distribuidos de manera homogénea en los 10 cromosomas de la especie. Luego de aplicar diversos filtros de calidad y contenido de información lograron retenerse 4378 SNPs que fueron utilizados para las inferencias poblacionales. La heterocigosis individual promedio fue entre moderada y baja para todos los grupos considerados. Las razas andinas de zonas bajas (<2000 m.s.n.m.) mostraron mayor similitud con las razas harinosas del NEA que con las andinas de zonas altas (>2000 m.s.n.m.). Los resultados obtenidos proveen información valiosa para orientar los esfuerzos de conservación e investigar la base genética de las adaptaciones locales.

COMPARISON OF TWO STATISTICAL METHODS TO DETERMINE THE GENETIC STRUCTURE IN MIXED POLYPLOID POPULATIONS. SIMULATED DATA

Gayozo Melgarejo E.¹. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. elviologo@gmail.com

Many plant species have different ploidy levels in their populations; studies actually use conventional methods to determine the genetic structure of these populations. However, the amount of data generated by ploidy levels could greatly decrease the accuracy of these analyzes. Therefore, the objective of this study was to compare two Bayesian methods to determine genetic structure of simulated populations with several ploidy levels. Statistical data of SSR markers were obtained for six populations with 60 individuals (2n, 3n, 4n), in 20 replicates, using *polysat* package in R. Determination of cluster number (K values) was made using Evanno method (ΔK) and Bayesian Information Criterion (BIC). The assignment of genetic pool to individuals was carried out by membership graphics; and discriminant analysis of principal component (DAPC) to identify the degree of differentiation-association between them. Analyses were made using STRUCTURE, STRUCTURE HARVESTER softwares and the *adegenet* package in R. Data obtained were analyzed with chi-squared test (5% error); it shows that traditional methods (Evanno method and STRUCTURE) are not consistent and present low success rates (only 10%) in the determination of K values, as well as in genetic pool assignment; however, Bayesian analysis based in BIC was significantly consistent ($p < 0.05$) with high success rate (99%). These results indicate that BIC-based method presents much greater accuracy and applications than conventional methods in the study of genetic structure and genetic variability of populations with several ploidy levels.

GPE 33

REVERSIÓN DE LOS EFECTOS NEGATIVOS DEL AISLAMIENTO SOCIAL SOBRE EL DESARROLLO MORFOLÓGICO, FISIOLÓGICO Y CONDUCTUAL EN LARVAS DE *Drosophila melanogaster*

Del Pino F.¹, F. Espinoza¹, P. Gonzalez¹, M. Zamora¹, F. Pozo¹, E. Álvarez¹.
¹Universidad de Chile, Chile.
 fdelpino@med.uchile.cl

Nuestro equipo demostró que larvas de tercer estadio de la especie *D. melanogaster* criadas en aislamiento social eran más livianas, más pequeñas y presentaban una conducta locomotora muy diferente a larvas criadas en grupo. Una vez comprobados los efectos adversos del aislamiento social, criamos en placas de Petri de 4 cm de diámetro, larvas aisladas (n=30) y larvas criadas en grupos de 30 individuos (n=5). Luego, sometimos a estos tratamientos a dos ambientes de crianza: i) medio compacto, y ii) medio rastrillado. Adicionalmente, sometimos a las larvas aisladas a otros dos ambientes de crianza: (iii) medio con señales químicas de congéneres, y iv) medio con cuerpos inertes. Nuestro objetivo fue entender el efecto de estímulos sensoriales sobre el desarrollo larval de *D. melanogaster*. A las 96 horas de desarrollo pesamos (g), medimos la longitud (mm) y registramos la actividad locomotora larval. Nuestros resultados muestran que las larvas aisladas en un medio rastrillado, en presencia de objetos inertes y de sustancias químicas de congéneres incrementan su peso y tamaño larval en una razón de 3:1 respecto a larvas criadas en un medio compacto, sin estímulos sensoriales (ANOVA, $F(1,156)=129$; $P<0,0001$). Por su parte, las larvas aisladas presentan una conducta locomotora superior a los obtenidos en ausencia de estos estímulos (ANOVA, $F(1,156)=262$; $P<0,0001$). Estos hallazgos muestran la importancia que tienen las interacciones sociales como fuentes de estimulación sensorial necesario para un adecuado desarrollo larval en *D. melanogaster* y para los seres vivos en general.

GPE 34

EFECTOS DEL AISLAMIENTO SOCIAL SOBRE LA VIABILIDAD LARVAL Y SOBRE LA OVIPOSTURA EN HEMBRAS DE *Drosophila melanogaster*

Alvarez E.¹, J. Arriagada¹, J. Mella¹, M.C. Muñoz¹, F. Del Pino¹.
¹Universidad de Chile, Chile.
 edoalvarezrivas@gmail.com

D. melanogaster presenta cuatro estados vitales totalmente diferentes durante su desarrollo, huevo, larva, pupa y adulto. La supervivencia de los adultos está dada por la adecuación de los estados vitales previos, por lo tanto investigar el papel de los ambientes de crianza sobre estos es crucial para entender como las especies de este género se mantienen en el tiempo. Nosotros estudiamos el efecto del aislamiento social sobre la viabilidad en la etapa preadulta y además sobre la ovipostura de hembras en *D. melanogaster*. Para ello diseñamos los siguientes experimentos: i) En placas de Petri de 4 cm de diámetro (n=60), con medio de cultivo burdick, colocamos individuos aislados (un huevo) e individuos criados en grupos (treinta huevos), para luego registrar la viabilidad huevo-adulto; y ii) en placas de Petri de 6 mm de diámetro (n=25) colocamos hembras adultas en aislamiento y hembras en grupos (20 individuos), para registrar la cantidad de huevos depositados. Nuestros resultados muestran que la viabilidad de los preadultos se reduce drásticamente de un 60% a un 30% bajo un régimen de aislamiento social y que en la etapa adulta las hembras aisladas socialmente depositan un número significativamente menor de huevos cuando no tienen compañía ($39,5\pm 8,47$ versus $75,2\pm 8,93$; $t=2,37$, $P<0,05$). Estos hallazgos sugieren que la presencia de congéneres aporta significativamente a un adecuado desarrollo larval y a una adecuada conducta reproductiva en *D. melanogaster*.

GENETIC BY EARLY LIFE NUTRITION INTERACTIONS IN SLEEP BEHAVIOR AND BRAIN MORPHOLOGY IN *Drosophila*

Olivares G.H.¹, F. Núñez¹, N. Candia¹, F. Vega Macaya¹, N. Zúñiga¹, T.F.C. Mackay², R.A. Verdugo³, P. Olguín¹. ¹Program of Human Genetics, ICBM, Department of Neuroscience, Biomedical Neuroscience Institute (BNI), Faculty of Medicine, Universidad de Chile, Chile; ²Clemson Center for Human Genetics, Greenwood, SC, USA; ³Program of Human Genetics, ICBM, Department of Translational Oncology, Faculty of Medicine, Universidad de Chile, Chile. patricioolguin@med.uchile.cl

Sleep can be defined as a reversible state of inactivity, which is conserved across most metazoans. In vertebrates and *Drosophila*, starvation leads to suppression of sleep, however, it has not been studied whether early-life nutrition during development affects sleep variation and to what extent it is influenced by the morphology variation of the brain structures controlling sleep, such as the mushroom bodies (MBs) in flies. To answer this question, we characterized sleep traits and MBs morphology in a subgroup of flies of the wild derived population, *Drosophila* Genetic Reference Panel (DGRP), raised under prenatal nutritional restriction (NR). Therefore, the genetic variation of DGRP can be associated with the variation of specific phenotypes using GWA studies. Using this panel, we determined that *genetic-by-early-life-nutrition* interaction contributes to variation of MBs morphology and sleep traits. By performing GWA analyses we identified single nucleotide polymorphisms (SNPs) associated with the sensitivity of MBs morphology and sleep traits to nutrition. Using this data, we inferred gene networks related to neural development that underlie the differential response to NR in *Drosophila* sleep and MBs morphology. Mutant and RNAi validation analysis against a group of 20 genes supported the role of them shaping the response to early nutrition on the sleep behavior. These results shed light on how prenatal NR results in adaptations of development, and how they contribute to shape brain function during adult life.

ADULTOS DE *Drosophila simulans* DE HUERTOS DE NARANJAS Y PERAS DIFIEREN GENÉTICAMENTE EN LA MANERA COMO EXPLORAN LA FRUTA

Godoy Herrera R.¹, F. Mallea¹. ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile. raulgodoy.herrera@gmail.com

La exploración de ambientes permite acceder a recursos ecológicos. Para esto los animales deben ir de un lugar a otro. Para comprender cómo se trasladan los adultos de *Drosophila simulans*, investigamos sus patrones de movimiento. Los adultos se colectaron en huertos de naranjas (*Citrus sinensis*) y de peras (*Pyrus communis*). En las naranjas se forma un sitio de fermentación; en las peras hay 3-4 lugares. Con las generaciones parentales, F₁, F₂ y cruzamientos retrógrados se analizaron los patrones de movimiento: (i) locomoción; (ii) cambios de dirección; y (iii) magnitud de los giros. Las diferencias eran mayores entre hembras que entre machos. Los individuos de ambas cepas diferían en actividad locomotora, en número de giros al cambiar de dirección y en la amplitud de los giros. El estudio genético reveló epistasis entre genes: (i) aditivos; (ii) aditivos y dominantes; y (iii) dominantes de diferentes loci. La heredabilidad en sentido amplio para locomoción, número y amplitud de los giros fue mayor en hembras que en machos. La organización del genotipo de los patrones de movimiento de los adultos de *D. simulans* se compara con la de los rasgos que aportan a la adecuación. Discutimos las implicaciones ecológicas, etológicas, neurobiológicas, genéticas y evolutivas.

GPE 37

EFFECTOS DE LA CÓPULA INTERESPECÍFICA ENTRE ESPECIES DEL GRUPO *Drosophila repleta* (DIPTERA: DROSOPHILIDAE)

Bennardo L.E.^{1,2}, J. Hurtado^{1,2}, E.R. Hasson^{1,2}. ¹Laboratorio de Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Argentina. lautaro.benn@gmail.com

En especies poliándricas, las adaptaciones masculinas útiles para afrontar la competencia espermática pueden resultar perjudiciales para las hembras, dando lugar al conflicto intersexual. Este conflicto, a su vez, puede promover una suerte de “batalla” entre los sexos cuyo resultado es una rápida coevolución sexualmente antagonista de los caracteres capaces de incidir sobre los aspectos reproductivos bajo conflicto. Por ejemplo, ciertas proteínas seminales que los machos transfieren a las hembras durante la cópula han evolucionado como adaptaciones al conflicto sexual y ejercen efectos negativos sobre la capacidad reproductiva de las hembras. Teóricamente, si estas proteínas fueran transferidas a hembras de otras especies, que no hayan podido coevolucionar adaptativamente con ellas para contrarrestar sus efectos, podrían mostrar efectos exagerados. Con el fin de investigar esta predicción, estudiamos los efectos de la cópula heteroespecífica entre especies del grupo *Drosophila repleta* sobre la supervivencia y la fertilidad de las hembras. Particularmente, estudiamos los efectos causados por machos de *D. koepferae* al aparearse con hembras de otras especies con tiempos de divergencia creciente: *D. antonietae*, *D. serido*, *D. borborema*, *D. buzzatii* y *D. venezolana*. Si bien no se pudieron establecer relaciones claras entre los efectos observados y los tiempos de divergencia entre las especies, los resultados obtenidos revelaron efectos negativos del apareamiento interespecífico sobre la fertilidad o supervivencia de la hembra, apoyando la hipótesis de conflicto sexual.

GPE 38

FECUNDIDAD Y LONGEVIDAD EN LÍNEAS SELECCIONADAS PARA EL ÉXITO DE APAREAMIENTO EN ALTA TEMPERATURA DE *Drosophila buzzatii*

Stazione L¹, F. Norry¹, P. Sambucetti¹. ¹IEGEB, FCEyN, UBA, Argentina. leonelstazione@hotmail.com

Los rasgos de historia de vida están fuertemente afectados por las altas temperaturas. El costo energético por estrés ambiental posee gran influencia en la relación entre los rasgos reproductivos y la longevidad. En este estudio, evaluamos las respuestas correlacionadas en líneas de selección para el éxito de apareamiento en altas temperaturas sobre la fecundidad y la longevidad. Se utilizaron tres líneas réplicas de selección y tres de control. La fecundidad se midió a 25 °C y 30 °C como el número de huevos puestos cada 2 días hasta la muerte de cada hembra y se indexó la fecundidad relativa a la edad. La longevidad se midió en distintas condiciones térmicas: 25 °C, 30 °C y mediante un tratamiento cíclico que alternaba entre 33 °C y 18 °C. No se hallaron diferencias entre las líneas en la fecundidad, mientras que para la longevidad se encontraron diferencias sexo-específicas. La longevidad media resultó significativamente mayor en los machos controles que en los seleccionados en las tres condiciones térmicas. Los resultados muestran que la longevidad podría evolucionar como respuesta correlacionada a la selección para el éxito de apareamiento. Dado que las líneas más exitosas para el apareamiento resultaron menos longevas se puede sugerir, como predicen las teorías del envejecimiento, que la relación entre estos rasgos depende del costo energético y la eficiencia metabólica. Además, la sexo-especificidad de la respuesta se sustenta en la hipótesis de que la selección sexual es más fuerte en los machos que en las hembras, como lo explica la teoría de la selección sexual.

VARIACIÓN ESPACIAL EN EL TAMAÑO CORPORAL Y SU RELACIÓN CON EL AMBIENTE EN LA TUCURA CON DIMORFISMO ALAR *Dichroplus vittatus*

Rosetti N¹, M.I. Remis¹. ¹Laboratorio Genética de la Estructura Poblacional, FCEyN, UBA, IEGEBA (CONICET-UBA), Argentina. nataliarosetti@ege.fcen.uba.ar

El dimorfismo alar es un fenómeno muy común entre los insectos e implica una variación discontinua en una amplia variedad de rasgos involucrados en la dispersión y la reproducción. En el presente trabajo se analiza el patrón espacial del dimorfismo para el tamaño del ala y la variación morfométrica intraespecífica en once poblaciones del saltamontes *Dichroplus vittatus* del Centro-Oeste de nuestro país. Se detectaron diferencias considerables entre poblaciones, entre sexos y entre morfotipos alares. Como tendencia general, las hembras presentaron mayor tamaño corporal que los machos y los individuos macrópteros evidenciaron un mayor tamaño del tórax, lo que puede explicarse por los requisitos morfológicos necesarios para el desarrollo de los músculos de vuelo en la cavidad torácica que favorecen la dispersión. Además, al comparar los morfotipos, se detectó una mayor variabilidad fenotípica en las hembras macrópteras. La frecuencia de los individuos macrópteros mostró una correlación negativa con la longitud y positiva con las precipitaciones, lo que indica que los individuos alados son más frecuentes en la región oriental más húmeda del área estudiada. Nuestros resultados proporcionan información valiosa sobre la variación espacial de la forma alada y las áreas geográficas en las que la especie experimentaría una mayor capacidad de dispersión.

EL ROL DEL AMBIENTE SOBRE LA DIVERGENCIA FENOTÍPICA EN POBLACIONES DE *Dichroplus elongatus* A LO LARGO DE UNA CLINA LATITUDINAL

Zelarayán M.B.¹, M.E.N. Rosetti¹, V. Rosito², M.I. Remis¹. ¹Laboratorio Genética de la Estructura Poblacional, Depto. Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, Universidad Buenos Aires, IEGEBA (CONICET), Argentina; ²Departamento Ciencias de la Salud, UNLaM, Argentina. monizelarayan@gmail.com

La integración de datos ambientales y fenotípicos es una manera efectiva de entender los mecanismos que estructuran la variabilidad intraespecífica. *Dichroplus elongatus* es un saltamontes ampliamente distribuido en el Cono Sur que brinda la oportunidad de estudiar la influencia de las clinas ambientales en la variación morfométrica. En este trabajo se analizaron 226 adultos en diez poblaciones naturales de tres ecorregiones argentinas a lo largo de una clina latitudinal de 800 km para examinar la diferenciación fenotípica y su relación con variables geográficas y climáticas. Se estudió la variación en cinco rasgos relacionados con el tamaño corporal a través de morfometría lineal y la variación en la configuración del ala anterior por morfometría geométrica. La variación en el tamaño corporal es significativa entre sexos y poblaciones ($\Lambda=0,15$ y $\Lambda=0,21$, $p<0,001$) y correlaciona negativamente con la latitud y temperatura ambiental ($p<0,05$). Se verificaron además correlaciones positivas entre las precipitaciones y el tamaño del ala en ambos sexos y en el tercer par de patas en los machos. El análisis de morfometría geométrica mostró diferencias significativas entre ecorregiones en machos y hembras ($F_{(2,20)}=2,09$, $p<0,05$ y $F_{(2,23)}=1,87$, $p<0,05$ respectivamente) y entre sexos ($F_{(1,44)}=9,65$, $p<0,05$). La asociación entre el tamaño y la configuración de los individuos respecto a indicadores ambientales señala que una parte considerable de la variación fenotípica detectada estaría reflejando fenómenos de adaptación local.

GPE 41

VARIACIÓN FENOTÍPICA ADAPTATIVA EN LA TUCURA DEL CAMALOTE *Cornops aquaticum* DE LA MESOPOTAMIA ARGENTINA: COMPARACIÓN PST-FST

Colombo P.C.¹, M.B. Zelarayán¹, M.I. Remis^{1,2}. ¹IEGEB, CONICET, Argentina; ²Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN, UBA, Argentina. colombop@ege.fcen.uba.ar

La tucura del camalote, *Cornops aquaticum*, se encuentra en ambientes de agua dulce del nuevo mundo entre las latitudes 23° N y 35° S. En el margen más meridional de esta distribución, se verifican clinas latitudinales para tres fusiones céntricas (translocaciones Robertsonianas) que se repiten a lo largo de los cursos medio y bajo del Río Paraná y a través del curso inferior del Río Uruguay. Las fusiones polimórficas están asociadas a un mayor tamaño corporal y están asociadas positivamente con la temperatura. Aquí estudiamos la variación morfométrica en 12 poblaciones situadas sobre los Ríos Paraná y Uruguay y su posible vinculación con variables geográficas y climáticas, a fin de evaluar cómo la heterogeneidad ambiental influye sobre la estructura fenotípica. Asimismo, con el propósito de analizar la importancia relativa de los efectos selectivos sobre la variación fenotípica, se analizaron conjuntamente los patrones de variación fenotípica y genotípica basados en loci microsatélites en siete poblaciones de la especie ubicadas en el Paraná Medio e Inferior. En general, se verifica una reducción del tamaño corporal en ambos sexos a medida que se incrementa la latitud y disminuyen la temperatura máxima y las precipitaciones. La diferenciación para todos los rasgos morfométricos (P_{ST}) es significativamente mayor que la diferenciación molecular (F_{ST}). Este resultado es consistente con la acción de selección positiva favoreciendo diferencias morfométricas óptimas en relación con el ambiente y la constitución cromosómica.

GPE 42

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE LA PLAGA AGRÍCOLA *Nezara viridula* (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) MEDIANTE EL ANÁLISIS DE SECUENCIAS DE ADN MITOCONDRIAL

Pérez De Rosas A.R.¹, B.A. García¹. ¹INICSA, CONICET, Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. arperez@biomed.fcm.unc.edu.ar

Con el propósito de estudiar la diversidad genética del insecto plaga *Nezara viridula*, se analizó la variabilidad de distintas regiones de ADN mitocondrial en diferentes localidades de Argentina. El análisis de 718 pares de bases (pb) del gen citocromo oxidasa I (COI) en 98 individuos reveló 7 haplotipos y bajos niveles de diversidad nucleotídica con valores de 0,00039 y 0,00135 de acuerdo con los estimadores π y θ_w , respectivamente. El análisis de 884 pb del gen de la subunidad 5 de NADH deshidrogenasa (ND5) en 23 especímenes reveló 6 haplotipos. La diversidad nucleotídica fue 0,00108 y 0,00184 para π y θ_w , respectivamente. El grado de diferenciación genética detectado y la presencia de haplotipos exclusivos sugieren intercambio génico restringido entre las poblaciones. Por otra parte, a partir del análisis de 1785 pb de la región de control en 69 individuos, se detectaron 60 haplotipos. Los valores para π y θ_w fueron 0,00426 y 0,0126, respectivamente. No se detectó asociación significativa entre la distancia geográfica y la diferenciación genética ($r = -0,139$, $P = 0,742$). Este patrón sugiere un flujo genético restringido entre los sitios de muestreo, donde las frecuencias de los haplotipos podrían desviarse independientemente sin relación con las distancias geográficas que los separan. Es probable que durante las reducciones poblacionales causadas por los insecticidas utilizados para controlar esta plaga agrícola, la deriva genética haya desempeñado un papel en la diferenciación y estructuración de las poblaciones independientemente de la distancia geográfica.

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA ESPACIAL DE UNA POBLACIÓN ARGENTINA DE *Anastrepha fraterculus* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES SSR Y MORFOMÉTRICOS

Freilij D.¹, P.V. Gómez Cendra^{1,2}, A.I. Rodríguez, L.I. Ferreyra, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Genética de Poblaciones Aplicada (GPA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), Buenos Aires, Argentina. damianfreilij@gmail.com

La mosca sudamericana, *Anastrepha fraterculus*, causa daños significativos a cultivos frutales. El objetivo de este estudio fue analizar la distribución espacial de la variación genética y morfológica en una población de esta especie. Se estudiaron 4 loci SSR y 6 rasgos morfométricos en 105 adultos provenientes de 35 frutos de 7 guayabos de San Pablo, Tucumán. La distribución de la varianza molecular y morfométrica se evaluó respectivamente mediante AMOVA y análisis lineal generalizado multivariado (MCMCgmm) considerando los niveles árbol/fruto/individuo. La estructura poblacional críptica y estructura espacial se evaluaron para ambos marcadores mediante autocorrelación espacial, DAPC y el software Geneland. Los loci analizados fueron muy variables, con 12,75 alelos promedio por locus y $H_E = 0,71$. Se observó exceso de homocigotas ($F_{IS} = 0,20$). Para los dos tipos de marcadores la diferenciación entre árboles fue significativa, pero no así la variación entre frutos dentro de cada árbol. El DAPC para ambos tipos de marcadores identificó 4 grupos bien diferenciados, pero no consistentes entre sí. No se encontró autocorrelación espacial para ningún marcador. El análisis mediante Geneland que combina la información geográfica, molecular y morfométrica identificó 3 grupos (clusters) con un alto nivel de hibridación (50%). Tomados en conjunto, los análisis realizados sugieren la ocurrencia de una alta heterogeneidad dentro de la población muestreada, aunque la dispersión reduciría la diferenciación genética entre las hembras que colonizan frutos de diferentes árboles.

ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO Y MODELADO DE NICHOS ECOLÓGICO EN POBLACIONES SUDAMERICANAS DE *Trimerotropis pallidipennis*

Gandini L.M.¹, V.A. Confalonieri¹, N.V. Guzmán¹. ¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-UBA, FCEyN, Buenos Aires, Argentina. luciano.gandini29@gmail.com

El complejo de especies de saltamontes *Trimerotropis pallidipennis* (Oedipodinae: Acrididae) está conformado por al menos tres linajes genéticos distribuidos en zonas áridas y de gran altitud a lo largo de América. Llamativamente en Argentina presenta una mayor diversidad ambiental acompañada por la presencia de poblaciones con polimorfismos para un conjunto de inversiones cromosómicas pericéntricas, cuyas frecuencias varían de manera clinal a lo largo de un gradiente altitudinal. El objetivo de este trabajo es comprender los procesos que han originado el patrón de distribución y estructura genética observado en poblaciones de *T. pallidipennis* mediante un análisis filogeográfico y de modelado de distribución de especies (MDE) y poner a prueba la hipótesis según la cual la clina de inversiones sería adaptativa. Se secuenció un fragmento del gen mitocondrial citocromo oxidasa en 43 individuos provenientes de 6 poblaciones sobre una clina altitudinal en la provincia de La Rioja (Argentina), 9 individuos de Icalma (Chile) y 7 de Cochabamba (Bolivia). Complementariamente a esto se construyeron MDE para el último máximo glacial, holoceno medio y último periodo interglaciar. Los análisis filogeográficos permitieron determinar el linaje genético al cual pertenecen las poblaciones analizadas y proveer evidencias que apoyan la hipótesis propuesta. El MNE reveló posibles refugios consistentes con el patrón de estructuración genética observado entre las poblaciones presentes en Sudamérica, al igual que en otras especies de ortópteros, plantas y vertebrados.

GPE 45

WHAT IS THE ORIGIN OF THE CHILEAN HONEYBEE?

Vargas Fernández A.M.¹, K. Dogantzis², B.A. Harpur³, M.A. Larrain¹, C. Araneda¹, A. Zayed². ¹Universidad de Chile, Chile; ²York University, Toronto, Canada; ³Purdue University, Indiana, USA.
vargas.favet@gmail.com

The origin of honeybees present in Chile is unknown. Today considering the international Queen bee trade is important to determine the lineage of commercial honeybee in Chile and to identify possible africanization events. Domestication often causes changes in the admixture, genetic diversity, and population structure. Honeybee workers from different regions of Chile (13) were sampled (n=40) and sequenced for four nuclear genes (GB41836, GB15169, GB13884 and GB13598). SNP markers (n=166) were used to quantify the admixture, genetic diversity and population structure. Our analysis indicate that honeybees collected in Chile were derived mainly from the lineage of the honeybee C native of Eastern Europe, with different levels of admixture of the lineage M native of Western Europe. None of chilean honeybees samples shows africanization signatures. Genetic diversity is similar to that reported in managed honeybee populations in Europe and North America. Using non-parametric analyses, we were able to identify five different populations, where four are close to group C and one to group M.

GPE 46

COMPARISON BETWEEN SINGLE AND MULTI-LOCUS APPROACH FOR SPECIMEN IDENTIFICATION, IN MUSSELS OF *Mytilus* GENUS

Larrain M.A.¹, C. Pérez¹, P. Gonzalez¹, F. Jilberto¹, C. Araneda¹.
¹Universidad de Chile, Chile.
mlarrain@uchile.cl

Mussels of *Mytilus* genus have been studied mainly by their role in coastal marine ecosystems, as a highly cultivated resource and appreciated as a wholesome food. The most studied species are *M. edulis*, *M. galloprovincialis* and *M. chilensis* as responsible for the global production, along with the non-commercial *M. trossulus*. The identification of a specimen to the level of species, based on morphological characteristics is difficult to perform; therefore several molecular markers are used for this purpose. Single locus markers used independently (mono-locus approach), can give conflicting results, because not all markers can differentiate among the above-mentioned four species and because they target regions in the genome with different evolutionary history. We evaluate the concordance between the most used PCR-FLP markers to perform species identification in mussels from *Mytilus* genus (Me15-16, ITS, mac-1, 16S rRNA and COI) used alone and all together (multi-locus approach). Multi-locus outperformed the mono-locus approach identifying clearly the four species. We expect that these findings contribute to a better understanding of *Mytilus* taxa analysis performed with different DNA markers, and we encourage to use multi-locus approach in research on food quality and safety, sustainable production and conservation fields related with this important marine resource.

MOLECULAR MARKERS REVEAL NEW SMOOTH SHELLED MUSSELS DIVERSITY ON SOUTHERN OCEAN ISLANDS AND SOUTH AMERICA

Zbawicka M.¹, M.A. Larraín², C. Araneda³, J.P.A. Gardner⁴, R. Wenne¹. ¹Institute of Oceanology Polish Academy of Sciences, Poland; ²Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Chile; ³Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Departamento de Producción Animal, Chile; ⁴Victoria University of Wellington, School of Biological Sciences, New Zealand.
mzbawicka@iopan.gda.pl

High numbers of endemic species inhabit Sub-Antarctic continental coasts and islands characterised by occurrence of extremal environmental. Increased human activities, including maritime traffic can distort local ecosystems by facilitation invasions of alien species. Smooth-shelled blue mussels of the genus *Mytilus* with bi-polar distribution are a model group to study phylogeography, speciation and hybridisation in the sea, and contribute to theory and practice of marine biosecurity. We used a single nucleotide polymorphism (SNPs) panel that has the ability to accurately identify reference Northern and Southern hemisphere *Mytilus* mussel taxa, to test for evolutionary differentiation amongst native Southern Ocean populations. The separation of South American *M. chilensis* and *M. platensis* from the New Zealand and Tasmanian populations of *Mytilus* is very well supported. We show that native mussels from the Malvinas/Falkland Islands and the Kerguelen Islands exhibit greatest affinity to native mussels *M. platensis* d'Orbigny 1846 from Argentina and are clearly separated all other blue mussel groups in the Northern and Southern hemispheres. The presence of invasive Northern hemisphere *M. galloprovincialis* was confirmed in Chile, Argentina and Tasmania, amongst native mussels. Overall, our results reveal that native Southern hemisphere island mussels have mixed genome ancestry. They should be treated as separate evolutionary significant units for the purposes of protecting *Mytilus* taxa of the Southern hemisphere.

HERRAMIENTAS GENÓMICAS APLICADAS AL ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE CONGRIO COLORADO EN LA COSTA DE CHILE

Cordova V.^{1,2}, N. Lam², P. Magnolfi³, E. Normandeau⁴, L. Bernatchez⁴, C. Araneda². ¹Programa Cooperativo Doctorado en Acuicultura, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Chile; ²Laboratorio de Genética y Biotecnología en Acuicultura, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Chile; ³Colorado Chile S.A.; ⁴Laboratoire Dr. Louis Bernatchez, Institut de Biologie Integrative et des Systèmes, Université Laval, Quebec, Canada.
valentina.cordova@ug.uchile.cl

El congrio colorado (*Genypterus chilensis*) es una especie endémica del Océano Pacífico Sur, de gran importancia en la gastronomía chilena. Sin embargo, la ausencia de medidas de manejo sobre este recurso ha llevado a la disminución de las poblaciones naturales debido a la sobreexplotación. Con el fin de asistir en la recuperación de las poblaciones naturales y en el desarrollo de medidas de manejo, este estudio identifica las unidades biológicas de congrio colorado en la costa de Chile. A partir de ddRAD, se identificaron 2.604 SNPs en el genoma de *G. chilensis*, genotipados en 216 individuos pertenecientes a 8 poblaciones distribuidas a lo largo de 2.000 km de costa. Los resultados preliminares muestran una heterocigosidad global promedio de 0,084, con valores significativos de F_{IS} , indicando una deficiencia de heterocigotos. Los valores de F_{ST} apareado son consistentes en evidenciar diferenciación genética entre las poblaciones del Norte y Sur del país. Sin embargo, el análisis de DAPC, revela mayor estructuración sugiriendo la presencia de cuatro grupos genéticos de congrio colorado en la costa de Chile: Norte, Centro, y dos en el Sur. Estos resultados sugieren que las poblaciones estarían conectadas a través de flujo génico debido al movimiento de larvas siguiendo la corriente de Humboldt, de Sur a Norte. Este trabajo aportará al desarrollo de estrategias de repoblamiento de las poblaciones naturales de congrio colorado, de manera de mantener la integridad genética de los stocks y en el manejo en acuicultura.

GPE 49

CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Genypterus blacodes* DEL SUR DE CHILE, MEDIANTE MARCADORES NUCLEARES Y MITOCONDRIALES

Camus G.¹, V. Córdova¹, F. Jilberto¹, C. Aranedá¹, P. Magnolfi², S. Magnolfi², A. Díaz², N. Lam¹. ¹Laboratorio de Genética y Biotecnología en Acuicultura, Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Chile; ²Colorado Chile S.A., Chile. gonzalo.camus@ug.uchile.cl

El congrio dorado (*Genypterus blacodes*) pertenece a la familia Ophidiidae, habita desde las costas de Chile y Argentina hasta Australia. En Chile se extiende desde Coquimbo hasta el Cabo de Hornos. Es un pez de hábitos bentónicos que vive entre los 50 y 1000 metros de profundidad asociado a sustratos rocosos. Debido a la sobreexplotación del recurso y su importancia comercial se ha comenzado a desarrollar el cultivo de esta especie. En este contexto realizar la caracterización de la variabilidad genética de los ejemplares que van a componer la población base de cultivo es de carácter prioritario. En este trabajo se describe la caracterización genética de ejemplares de *G. blacodes* provenientes de Puerto Montt, Calbuco y Aysén. Para esto se analizaron 8 microsatélites descritos para la especie (cmrGb4.2A, cmrGb4.2B, cmrGb4.11, cmrGb5.2B, cmrGb2.6.1, cmrGb3.8.1, cmrGb5.9, y cmrGb4.12) los que fueron amplificados mediante PCR y posteriormente se realizó la detección de los alelos obtenidos mediante electroforesis capilar basada en fluorescencia. Además, presentamos los resultados del análisis filogenético del género *Genypterus* utilizando la secuencia del gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I, indicando que este género corresponde a un grupo monofilético, y en específico *Genypterus blacodes* se separa en dos grupos en base a su distribución geográfica (Chile y Australia). Estos resultados aportarán al desarrollo de estrategias de repoblamiento y cruzamiento de la especie para mantener la integridad genética de los stocks silvestres y de poblaciones de cultivo.

GPE 50

ANÁLISIS DE COI ADNmt PERMITE RECONOCER QUE EL LANGOSTINO (*Pleoticus muelleri*) EN TODA SU DISTRIBUCIÓN CORRESPONDE A LA MISMA ESPECIE

De Carli P.^{1,2}, V.C. Marcucci¹, E.S. Gesto². ¹Universidad Nacional de la Patagonia Austral, Unidad Académica Río Gallegos (ICASUR), Argentina; ²CIT - Santa Cruz (CONICET-UNPA), Argentina. pdecarli@uarg.unpa.edu.ar

El langostino argentino *P. muelleri* se distribuye a lo largo de las costas del Océano Atlántico Sudoccidental de Argentina, Uruguay y Brasil. Las diferencias conocidas en la abundancia, longevidad y tamaño entre sus poblaciones se han interpretado como plasticidad fenotípica debido a variaciones en las condiciones ambientales, tales como temperatura y salinidad, pudiendo interpretar las diferencias fenotípicas como especies distintas en los extremos de su distribución. El objetivo de este trabajo es demostrar la existencia de una única especie de langostino (*P. muelleri*) en toda la distribución geográfica. El ADN se extrajo de tejido muscular obtenido de capturas comerciales, por el método de extracción salina. Se realizaron amplificaciones convencionales y secuenciaciones en Macrogen Korea. En el presente estudio se analizaron 150 secuencias de COI (472 pb) de 8 sitios de muestreo entre Río de Janeiro y el Sur del Golfo San Jorge, y 13 de otras especies de la superfamilia Penaeoidea. Se observaron 8 haplotipos diferentes para *P. muelleri* (Hd: 0,091, Pi: 0,00023), 4 de ellos en el Golfo San Jorge. La distancia genética promedio dentro de la población de *P. muelleri* fue de 0,0043 (sd=0,0014), y entre *P. muelleri* y las otras especies analizadas fue en promedio de 0,308 (sd=0,047). Estas diferencias permitirían concluir que el langostino argentino *Pleoticus muelleri* en toda su distribución geográfica pertenece a una única especie.

INTEGRACIÓN DE ESTUDIOS CITOGÉNÉTICOS Y DNA-BARCODING PARA LA DELIMITACIÓN DE UNIDADES TAXONÓMICAS OPERACIONALES EN REPRESENTANTES DE *Orestias* DEL ALTIPLANO CHILENO

Araya Jaime C.^{1,2}, N. Lam³, P. Iturra¹, D. Pelaez¹, G. Camus³, M. Mendez⁴, I. Vila⁴. ¹Facultad de Medicina, Programa de Genética Humana, ICBM, Universidad de Chile, Chile; ²Instituto Multidisciplinario de Ciencia y Tecnología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, Chile; ³Departamento de Producción Animal, Facultad de Cs. Agronómicas, Universidad de Chile, Chile; ⁴Facultad de Ciencias, Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Chile. nlam@uchile.cl

Orestias es uno de los géneros con más especies de peces de aguas continentales en Chile. Se han descrito 8 especies, las que se distribuyen desde el Parque Nacional Lauca, en la Región de Arica y Parinacota, hasta el Salar de Ascotán en la región de Antofagasta. Su diversidad se ha explicado por procesos de especiación alopátrica, consecuencia de la fragmentación de su hábitat original, proceso que habría comenzado en el Pleistoceno. Estudios citogenéticos han establecido que el 2n varía desde los 48 hasta los 55 cromosomas, siendo el 2n=48 el más frecuente. Cada una de las especies chilenas de *Orestias* se reconoce por sus atributos citogenéticos. Para reforzar la ocurrencia de diferenciación entre estos grupos y validar la existencia de citotipos, nuestro objetivo es integrar los estudios cromosómicos realizados en estas especies con el análisis de DNA *Barcoding*. En este contexto, analizamos secuencias parciales del gen Citocromo Oxidasa I (COI) proveniente de *O. ascotanensis*, *O. gloriae*, *O. laucaensis*, *O. parinacotensis* y *O. chungarensis* y de las poblaciones de Isluga, y Huasco de *Orestias* sp.. El resultado del análisis de este conjunto de secuencias resultó en el reconocimiento de cada citotipo como una Unidad Taxonómica Operacional (UTO), con valores de divergencia genética (K2P) promedio del 3%. Concluimos que la integración de los estudios citogenéticos y de DNA Barcode aporta a la identificación y delimitación de las Unidades Taxonómicas Operacionales en *Orestias*, información que se torna relevante para estudios taxonómicos, filogenéticos y de conservación.

DIVERGENCIA PROFUNDA ENTRE LINAJES Y ADAPTACIÓN AMBIENTAL EN *Rhamdia quelen* MEDIANTE ANÁLISIS GENÓMICO POBLACIONAL

Ríos N.¹, A. Casanova², M. Hermida², B. G. Pardo², P. Martínez², C. Bouza², G. García¹. ¹Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Udelar, Montevideo, Uruguay; ²Departamento de Zoología, Genética y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Campus de Lugo, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo, España. nrriosp@gmail.com

Rhamdia quelen pertenece al Orden Siluriformes y constituye un valioso recurso zoogenético de la Región Neotropical, de importancia en pesquerías y para la acuicultura. Abordajes filogeográficos en las grandes cuencas de la región cis andina basados en marcadores mitocondriales han concluido que *R. quelen* representa un complejo de especies integrado por al menos siete linajes mitocondriales. Posteriores análisis genético-poblacionales en el sistema de cuencas La Plata, Laguna Merín y lagunas costeras de la vertiente del Océano Atlántico (LP-LM-OA) mediante 10 loci microsatélite mostraron evidencias de hibridación pasada entre estos linajes mitocondriales. En este contexto, se realizó un análisis genómico poblacional de *R. quelen* en el sistema de cuencas LP-LM-OA mediante la técnica 2b-RAD-seq con el objetivo de aportar datos más robustos a la historia filogeográfica de la especie e identificar huellas de selección. Este análisis permitió genotipar 17.575 loci polimórficos, a partir de los cuales se identificaron 73 “outliers” relacionados con selección divergente entre las muestras del Norte y Sur del área de estudio. El análisis de estructura genética permitió identificar dos clústeres genómicos altamente diferenciados en el sistema LP-PM-AO, asociados al patrón de distribución geográfico Norte-Sur. Utilizando el genoma de *I. punctatus*, la minería genómica en torno a los “outliers” identificados permitió detectar genes candidatos a estar bajo selección asociados al desarrollo, funciones celulares, tejido muscular, sistema nervioso, sensorial, inmunidad y reproducción.

GPE 53

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL PUMA (*Puma concolor*), EN EL CENTRO Y SUR DE ARGENTINA, A TRAVÉS DEL GEN MITOCONDRIAL ND5

Mac Allister M.E.¹, V.D. Zelada Perrone¹, C.E. Figueroa^{1,2}, A. Travaini^{2,3}, M.L. Merino⁴, G.P. Fernández¹. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Centro de BioInvestigaciones/CIT NOBA (UNNOBA), Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Centro de Investigaciones Puerto Deseado (UNPA), Argentina; ⁴CIC, Argentina.
macallistermaty@gmail.com

El puma (*Puma concolor* Linnaeus 1771) es el predador tope más ampliamente distribuido en América. En la actualidad el puma enfrenta dos amenazas principales: el conflicto con la ganadería ovina y vacuna, y la fragmentación y pérdida del hábitat natural. Por otra parte, se desconocen diferentes aspectos de la genética y taxonomía de la especie. Por estas razones, y aunque la UICN lo cataloga como “Preocupación Menor” debido a su amplia distribución geográfica, existen situaciones particulares a nivel regional, estando su estado de conservación no debidamente evaluado. A través del presente trabajo se propone identificar y caracterizar patrones de variabilidad genética en poblaciones de pumas del centro y sur de la Argentina mediante el uso de marcadores moleculares mitocondriales. Con este fin fueron analizadas 47 muestras de individuos provenientes de las provincias de Neuquén (n=18), Santa Cruz (n=15), Chubut (n=1), Río Negro (n=1), Santa Fe (n=1) y Buenos Aires (n=11) para un fragmento de 750 pb del gen ND5. Se obtuvieron 3 haplotipos distintos, de los cuales uno no había sido registrado hasta el momento. Para los diferentes abordajes filogenéticos se utilizaron también secuencias de *P. concolor*, y otros felinos, tomadas del *Genbank*. Los resultados a nivel continental muestran una acentuada divergencia entre las poblaciones estudiadas y las del Centro y Norte de América. Se espera que estos resultados contribuyan con los métodos tradicionales, en la definición de las unidades taxonómicas, de conservación y manejo del puma en el extremo sur de su distribución geográfica.

GPE 54

HISTORIA DEMOGRÁFICA DEL GUANACO DE LOS ÚLTIMOS 10.000 AÑOS, EN EL SUR DE MENDOZA

Abbona C.C.¹, J. Johnson², S. Wolverton², G. Neme¹. ¹IDEVEA (CONICET-UTN, FRSR), Argentina; ²Environmental Science, University of North Texas, USA.
abbonacynthia@gmail.com

Según antecedentes zooarqueológicos hace 2.000 años atrás la población de guanacos disminuyó debido a la sobre explotación antrópica. El objetivo es estudiar la variación en el tamaño de la población del guanaco (*Lama guanicoe*) en el sur de Mendoza desde los últimos 10.000 años. Para ello, a fin de reconstruir la historia demográfica del guanaco se estudiaron 60 muestras provenientes de distintos sitios arqueológicos que datan de 10.000 a 100 años de antigüedad, y 19 muestras modernas. Las muestras antiguas fueron enriquecidas con el ADN mitocondrial usando MyBaits y secuenciadas por NGS (*Next Generation Sequencing*) en la plataforma de Illumina en un MiSeq. Los datos obtenidos fueron procesados con SeqPrep y dos pipelines (con Bowtie2 o MIA & MA), los fragmentos duplicados se eliminaron con Samtools. Los análisis se realizaron con el alineamiento de la región mitocondrial D-loop (1.217 bp) de muestras antiguas y modernas provenientes de la misma región. La reconstrucción demográfica se realizó con BEAST haciendo uso de la inferencia Bayesiana calibrada con la edad de cada muestra. En dichos análisis detectamos la disminución en el tamaño de la población desde 2.500 a 250 años antes del presente, el cual coincide con el registro arqueológico, y luego el tamaño poblacional se mantiene constante desde 250 años atrás al presente.

CARACTERIZACIÓN DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL DEL ZORRO DE CAMPO (*Lycalopex gymnocercus*) EN URUGUAY A PARTIR DE LOCI DE MICROSATÉLITES

Juan H.¹, M. Cosse¹, A. Bruno¹, S. González^{1,2}, H. Coitiño³, F. Montenegro³, N. Mannise¹. ¹Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ²Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; ³ONG ECOBIO Uruguay. hernan.juan@gmail.com

El zorro de campo (*Lycalopex gymnocercus*) es un cánido de distribución ubicua en praderas de la región centro sur de Sudamérica. Actualmente está listado como de preocupación menor por la lista roja de la IUCN. Los estudios poblacionales sobre la especie, realizados hasta la fecha se basan en metodologías de observación y captura. Nuestro estudio tuvo como objetivo analizar la estructuración genética del zorro de campo utilizando loci de microsatélites desarrollados para perro doméstico. Se utilizaron muestras de tejido de animales atropellados colectadas en cuatro rutas nacionales de Uruguay entre el 2006 y el 2016. Mediante ensayos con sondas TaqMan se determinó la especie de las muestras; se incluyeron sondas marcadas con diferentes fluorocromos para zorro de campo, zorro de monte y perro doméstico. Se construyeron perfiles genotípicos con 11 loci de microsatélites para 43 individuos identificados como zorro de campo. La matriz obtenida fue validada para errores de genotipado, equilibrio de Hardy-Weinberg, desequilibrio de ligamiento, riqueza alélica y contenido de información polimórfica. Se utilizaron métodos de agrupamiento y de asignación para determinar la presencia de subpoblaciones genéticamente diferenciadas. Nuestros resultados indican la existencia de dos grupos con un grado de diferenciación leve. Se concluye que Uruguay puede comprender una zona de contacto entre dos poblaciones genéticas con flujo génico. Esta hipótesis debería ser corroborada mediante la inclusión de muestras de los territorios limítrofes.

ANÁLISIS DE BSK (BAYESIAN SKYLINE PLOTS) DEL FACTOR DE NECROSIS TUMORAL ALFA Y CITOCROMO B EN MONOS SUDAMERICANOS (PLATIRRINOS)

Fachini A.S.¹, M.A.R. Breziski¹, C. Sanchez Fernandez¹, I. Badano^{1,2}. ¹Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. inesbadano@gmail.com

Los estudios genéticos en monos sudamericanos (Platirrinos) contribuyen al conocimiento de su biología y evolución. El Factor de Necrosis Tumoral alfa (TNF) es un gen autosomal del sistema inmune y el citocromo B (CytB) es un gen mitocondrial ampliamente usado en taxonomía molecular. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis de BSK (*Bayesian Skyline*) de secuencias del promotor del TNF y CytB obtenidas en Platirrinos de la Argentina y Sudamérica, y aportar datos sobre la historia demográfica de estos primates. Los gráficos de BSK fueron estimados con el programa BEAST. Se analizaron 2 sets de datos: a) 20 secuencias del promotor del TNF obtenidas en Genbank y/o por nuestro grupo (N=16) y, b) 33 secuencias del CytB, obtenidas en Genbank. Los criterios de análisis fueron: reloj relajado (UNL) y una Tasa de mutación de 1×10^{-8} s/s/y. Se corrieron 10 millones de cadenas muestreadas de a 1000. La convergencia y la visualización del gráfico de BSK fue realizada en Tracer. La historia demográfica de ambos marcadores se inició hace 20.000.000 de años, fecha que coincide con aquella descripta para la divergencia de las familias de Platirrinos. El tamaño poblacional se mantuvo constante hasta iniciar un decrecimiento aprox. 1.5 MY de años atrás. El decrecimiento poblacional descripto por ambos marcadores podría reflejar la pérdida de diversidad provocada por las fluctuaciones climáticas durante el Pleistoceno en América. Futuros estudios con un mayor número de marcadores y secuencias permitirá ampliar estas hipótesis.

GPE 57

INTEGRATIVE INFORMATION: MOLECULAR PHYLOGENY, KARYOTYPES AND GEOGRAPHIC DISTRIBUTION REVEAL CRYPTIC SPECIES IN *Euryoryzomys* (RODENTIA, SIGMODONTINAE)

Guilardi M.D., K. Almeida^{1,2}, M.J.D.J. Silva¹. ¹Laboratório Especial de Ecologia e Evolução, Instituto Butantan, Brasil; ²Superintendência da Polícia técnico-científica, Instituto de Criminalística, Núcleo de Perícias em Crimes Contra Pessoa, Brasil. diasgmariana@gmail.com

Euryoryzomys is composed of six species, and one not formally described. Species limits are hard to define due to morphological similarities. Phylogenetic inferences and cytogenetics indicate that *E. emmonsae* (2n=80, FN=86), *E. lamia* (2n=58, FN=82; 2n=60 and 64, FN=84), *E. macconnelli* (2n=64, FN=64, 70; 2n=60, FN=84) and *E. nitidus* (2n=80, FN=86) probably are cryptic species. The aim of this work was to reconstruct the phylogeny of *Euryoryzomys* and associate the results with diploid numbers in order to investigate the number of species. We used 53 individuals from 31 localities (Argentina, Bolivia, Brazil, Peru and Suriname). Three molecular markers were amplified: *cyt-b* (800 pb) and *cox1* (670 pb) from mitochondrial DNA; and *IRBP* (750 pb) nuclear gene. We also downloaded five sequences from GenBank. Bayesian inference and Maximum-Likelihood methods were applied to the phylogeny reconstruction, for each and concatenated markers. *Euryoryzomys* was recovered in all the analyses with high support. *E. emmonsae*, *E. legatus*, *E. nitidus* and *E. russatus* were recovered as distinct entities, although they share the same diploid number. Four species show evidences of cryptic entities: *E. emmonsae* (phylogeny), *E. lamia* (karyotypes), *E. macconnelli* (geographic distribution, karyotypes and phylogeny) and *E. nitidus* (geographic distribution and phylogeny). Broader sampling is suggested, especially for the species which could be in sympatry (*E. legatus* and *E. nitidus* from Bolivia). Also, more integrative taxonomy studies are required to reach the species delimitation of *Euryoryzomys*.

GPE 58

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN AVÍCOLA RUSTIPOLLOS, EMPLEANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Castro Rojas L., P. Peréz Estigarribia², L. Emiliano³, S. Cecobelli³, J. Quiroz⁴, S. Díaz⁵, N. Mendez⁶, J. Fernández^{1,6}, E. Camacho Vallejo⁷, A. Martínez Martínez⁸, G. Iglesias⁹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay; ²Facultad Politécnica, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay; ³Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, Italia; ⁴Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Huimanguillo, Tabasco, México; ⁵Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; ⁶ITAIPI Binacional, Ciudad del Este, Paraguay; ⁷Centro IFAPA Alameda del Obispo, Córdoba, España; ⁸Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España; ⁹Escuela de Veterinaria y Producción Agroindustrial, Carrera de Veterinaria, Sede Alto Valle y Valle Medio, Universidad Nacional de Río Negro, Argentina. lcastro@vet.una.py

La población Rustipollos doble propósito, huevo y carne, fue originada por cruzamientos dirigidos en el año 2001 en la División de Avicultura de la Facultad de Ciencias Veterinarias (Universidad Nacional de Asunción) siendo en la actualidad el único núcleo existente en Paraguay. La caracterización molecular que utilizamos microsatélites es una herramienta útil para el establecimiento de programas de conservación y mejoramiento animal. El objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad y estructura genética en los Rustipollos, comparando con ocho razas y/o líneas de referencia. A los efectos, se empleó 30 marcadores microsatélites recomendados por la FAO-ISAG. En total, fueron analizados 322 muestras de sangre de nueve poblaciones: Rustipollos, Andaluza Azul, Brahma, Combatiente Español, Cornish, Leghorn, Nigeriana, Línea parrillera y Plymouth Rock Blanca. El número medio de alelos, heterocigosidad observada (H_o) y heterocigosidad esperada (H_e) para todas las poblaciones fue de $4,21 \pm 1,82$; $0,48 \pm 0,017$ y $0,52 \pm 0,035$, respectivamente. Se observaron desviaciones en el equilibrio de Hardy-Weinberg en todas las poblaciones, excepto en la Plymouth Rock Blanca. El coeficiente medio de consanguinidad (F_{IS}) en la población Rustipollos fue bajo pero positivo (0,04). El análisis de estructura poblacional y reasignación individual indicó la existencia de al menos cuatro acerbos genéticos bien diferenciados. Los resultados de este estudio demuestran la importancia de salvaguardar la población local Rustipollos y además, facilitará la aplicación futura de un programa adecuado de manejo genético.

EVOLUTIONARY ANALYSIS OF THE SH2 DOMAIN OF THE STAT2 GENE: POSSIBLE INFLUENCE ON SUSCEPTIBILITY TO *Flavivirus* IN PRIMATES

Sortica V.A.¹, L.J.B. Landau¹, G.B.C. Garcia¹, G. Reales¹, B.S.O. Fam¹, M.C. Bortolini¹. ¹Laboratório de Evolução Humana e Molecular, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil. vsortica@hotmail.com

Flaviviruses as DENV, ZIKV, and YFV target signal transducer and activator of transcription 2 (STAT2) for inhibit interferons α and β (IFN- α and IFN- β) cascade and suppress innate immune system response in mammals. Here we investigate the evolutionary pattern of the STAT2 SH2 domain in primates to identify variable sites which could lead to a differential immune response to *Flavivirus*. In the study, 45 primate sequences (19 sequenced by our group) were aligned and analyzed. To assess the evolutionary patterns in our alignment, we used several tests to estimate the rate of non-synonymous to synonymous substitutions ($\omega = dN/dS$). Secondary structure prediction analyzes based on position-specific scoring matrices of the SH2 domain were performed on the PSIPRED online server. The secondary structure in the SH2 domain motifs presented a state of conservation of its amino acid sequence (proportion=0.97; $\omega < 1$). Seven sites presented variation across species (R576L, M594I or M594V, L624V, Y626C, V635M, R646C or R646H, R662H). The R576L (*Cebus robustus*, *C. xanthosternos*, *C. capucinus*, *Sapajus libidinosus*, *Saimiri boliviensis*), Y626C (*Prolemur simus*), R646C (*Leontopithecus chrysomelas*, *Leontopithecus rosalia*) substitutions represent more significant changes in the protein sequence (Grantham score: 102, 194 and 180). Overall, the STAT2 SH2 domain is conserved in primates; however, the importance of variations in the SH2 domain described on immune system response to different flaviviruses should be better explored.

ANALYSIS OF SIGNATURES OF SELECTION IN BRANGUS CATTLE

Alvarez Cecco P.¹, M.E. Fernandez², A. Rogberg-Muñoz¹, M. Balbi², M. Bonamy², G. Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), La Plata, Argentina; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, Argentina. pecunarg@gmail.com

Brangus breed combines the superior characteristics of both of its founder breeds, Angus and Brahman: high adaptability to subtropical environments, and overall hardiness of zebuine and the reproductive potential and carcass quality of Angus. The development of this breed could have produced an enrichment of zebuine or taurine haplotypes within specific genomic regions as a result of selection. The aim of this study was to identify signatures of selection in the genome of Brangus cattle through a population differentiation method (F_{ST}). For this purpose, a total of 479 animals (94 Angus, 48 Zebuine and 337 Brangus) were genotyped using a 50 K microarray. Raw data quality control was performed considering call rate ($\geq 97\%$) by sample and by SNP. PCA analysis revealed group clustering according to the breeds' genetic composition. The genetic differentiation of Brangus was calculated using Weir and Cockerham's F_{ST} against both ancestral breeds using Plink v1.9. The upper 1% of the distribution was arbitrarily chosen as threshold to determine candidate regions for selective footprints. The F_{ST} estimations between Brangus and each parental breed resulted in one notable candidate region for each comparison: BTA5 for Angus and BTA1 for Brahman. A 20 kb window for each SNP was considered to retrieve genes with BioMart and BovineMine databases. Then PANTHER was used to classify, according to their biological functions, those genes. The selected genomic regions seem to be related to subtropical environments adaptation as well as meat quality characteristics, among others.

GPE 61

FILOGENÓMICA DE CEPAS COLOMBIANAS DE *Helicobacter pylori* AISLADAS DE PACIENTES CON LESIONES GÁSTRICAS

Guevara A.¹, R. López Torres², J.J. Suarez Olaya¹, G. Parra Gill, L.G. Carvajal Carmona³, M.M. Echeverry De Polanco¹, M.E. Bohórquez Lozano¹. ¹Universidad del Tolima, Colombia; ²Instituto Mexicano de Seguridad Social, México; ³Genome Center, Department of Biochemistry and Molecular Medicine, School of Medicine, University of California, USA. mbohorquez@ut.edu.co

Estudios genómicos han demostrado que *Helicobacter pylori* ha co-evolucionado con el hombre desde sus orígenes, adaptándose a los diferentes grupos humanos. En Latinoamérica este proceso continúa y se ha observado que las subpoblaciones colombianas han seguido una ruta independiente. El objetivo de este estudio fue realizar un análisis filogenómico de 4 cepas de *H. pylori*, aisladas de pacientes colombianos del Departamento del Tolima. Los aislados se obtuvieron por cultivo *in vitro* de biopsias antrales de 3 pacientes con gastritis crónica no atrófica y 1 con cáncer gástrico. El ADN genómico se extrajo con el kit DNeasy Blood and Tissue de QIAGEN® y se secuenció en la plataforma Novaseq-Illumina® (Macrogen) a 100x de profundidad. Los datos de secuenciación se filtraron con el programa Trimmomatic y se ensamblaron con SPAdes; la comparación filogenética entre los genomas secuenciados y los reportados en la NCBI para subpoblaciones latinoamericanas y colombianas, se realizó en el programa VAMPhyRE; se compararon los rearrreglos genómicos utilizando MAUVE y el contenido genético se estimó en Pangea. El análisis filogenético de genomas completos mostró un agrupamiento de las subpoblaciones colombianas independiente al resto de las cepas latinoamericanas. El análisis de rearrreglos genómicos no mostró una clara diferencia entre subpoblaciones. El análisis del contenido genético sugiere la presencia de genes específicos para cada subpoblación. Los resultados revelan la variabilidad existente en las subpoblaciones colombianas y apoyan la hipótesis de una evolución independiente.

GPE 62

INTERACCIONES Y PERIODICIDADES DINUCLEOTÍDICAS NO-AZAROSAS Y DISEÑO INTELIGENTE GENERALIZADO

Valenzuela C.Y.¹. Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile. cvalenzu@med.uchile.cl

Las distancias a la distribución azarosa de las bases de los dinucleótidos separadas por 0, 1, 2.... K sitios nucleotídicos son tan enormes que no hay tiempo en el desarrollo del universo para producirlas. Una reunión como esta de la ALAG ha tenido que estar prevista y determinada desde el Big-Bang; si no, hay que aceptar que la información necesaria para construirla apareció durante el desarrollo cósmico, pero entonces ¿de dónde ha venido esa información? Platón, Newton, Laplace, Einstein y casi todos los científicos dedicados al tema creían en el diseño inteligente cósmico o lo que es igual en un determinismo materio-energético radical. La controversia en el mundo anglosajón sobre diseño inteligente o selección natural para explicar la evolución orgánica no tiene casi realidad en castellano, pues *design* significa diseño o designio y ambos son inteligentes. Suponer que hay una sucesión de eventos selectivos que produjeron la evolución orgánica deja todo en el mismo lugar ya que dicha sucesión también está determinada desde su inicio por la evolución cósmica.