



Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

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



Proceedings

XLII Argentine Congress of Genetics
III Regional SAG-NOA Meeting

Actas

XLII Congreso Argentino de Genética
III Reunión Regional SAG-NOA



Cited by

BIOLOGICAL ABSTRACTS
GENETICS ABSTRACTS
SISTEMA LATINDEX

Included in **SciELO**



ACTAS



**XLII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA
III REUNIÓN REGIONAL SAG-NOA**

20 al 23 de octubre de 2013
Centro de Convenciones Salta S.E
SALTA - ARGENTINA

COMISIÓN DIRECTIVA

PRESIDENTE

Dra. María Inés Oyarzábal
Fac. Cs. Veterinarias
Universidad Nacional de Rosario, Santa Fé

VICEPRESIDENTE 1º

Ing. Agr. Dr. Juan Carlos Salerno
IGEAF, INTA Castelar, Buenos Aires

VICEPRESIDENTE 2º

Dr. E. Isaac Aranda
Centro Nacional de Genética Médica, Buenos Aires

SECRETARIA

Dra. Viviana Solís Neffa
IBONE - CONICET
Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes

TESORERA

Ing. Agr. María Silvia Tacaliti
Fac Cs Agrarias y Forestales
Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires

VOCAL 1RO

Ing. Agr. Ezequiel Grassi
Fac. Agronomía y Veterinaria
Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba

VOCAL 2DO

Ing. Agr. Dra. María Soledad Ureta
Dpto. Agronomía. CONICET
Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires

VOCAL 3RO

Méd. Alejandra Mampel
Fac. Cs. Médicas y Hospital Universitario
Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza

VOCAL SUPLENTE 1RO

Dra. Mónica Poverene
Dpto Agronomía. CONICET
Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires

VOCAL SUPLENTE 2DO

Dr. Juan Vilardi
Laboratorio de Genética
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. CONICET
Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires

REVISOR DE CUENTAS

Dra. Beatriz Saidman
Laboratorio de Genética.
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. CONICET
Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires

CONSEJO ASESOR

REGIÓN CIUDAD AUTÓNOMA DE BUENOS AIRES Y PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Ing. Prod. Agrop. Carlos Mezzadra
INTA BALCARCE, Buenos Aires

Dra. Cristina Barreiro
Hospital de Pediatría Prof. Dr. J P Garrahan, Buenos Aires

Dr. Néstor Bianchi
IMBICE, CONICET, Buenos Aires

Dr. Enrique Gadow
CEMIC, Buenos Aires

Dr. Martín Roubicek
Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires

REGIÓN CENTRO

Dra. Noemí Gardenal
Fac. Cs. Exactas, Físicas y Naturales
Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza

Dr. Iván Tiranti
Fac. Cs. Exactas, Físico-Químicas y Naturales
Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba

REGIÓN CUYO

Dra. Norma Magnelli
Fac. Cs. Médicas
Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza

REGIÓN NOROESTE

Dr. José Dipierri
Inst. Biología de la Altura
Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy

REGIÓN NORESTE

Dr. Camilo Quarín
Fac. Cs. Agrarias
Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes

REGIÓN LITORAL

Dra. Liliana A. Picardi
Fac. Cs. Agrarias
Universidad Nacional de Rosario, Santa Fé

REGIÓN LA PAMPA Y PATAGONIA

Dr. Leonardo Gallo
Unidad de Genética Forestal
INTA Bariloche, Bariloche

COMISIÓN ORGANIZADORA LOCAL

Coordinador General

Dr. Luis A. Parada
Instituto de Patología Experimental
Universidad Nacional de Salta - CONICET. Salta

Coordinadores

Dra. Mariela P. Vilte
Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta

Dra. Alejandra Visich
Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta

Dra. Mónica Nazr
Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta

Coordinadores de Foros de la Producción

Dra. Marta Galván
EEA INTA Cerrillos, CONICET, Salta

Dr. Alejandro Toro
EEA INTA Catamarca, Catamarca

Ing. Agr. Marcelo Rodríguez Faraldo
EEA INTA Cerrillos, Salta

Dr. Mario De Simone
Centro Regional Salta-Jujuy INTA, Salta

Comité Científico Regional

Dra. Emma Alfaro
Universidad Nacional de Jujuy, CONICET, Jujuy

Dra. María Eva Lozzia
Fundación Miguel Lillo. CONICET
Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán

Dr. José Dipierri
Instituto de Biología de la Altura.
Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy

Dr. Atilio Castagnaro
Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres
CONICET, Tucumán

Dr. Roque Carrero Valenzuela
Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán

COMITÉ EDITORIAL

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA),
Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP) y
CONICET
Balcarce, Argentina

Editores Asociados:

Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola
Depto. de Ecología, Genética y Evolución,
Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, Univ. de Buenos
Aires (UBA) y CONICET
Buenos Aires, Argentina

Citogenética Humana

Dra. Roxana Cerretini
Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS,
"Dr Carlos G Malbrán"
Buenos Aires, Argentina

Citogenética Vegetal

Dr. José Guillermo Seijo
Instituto de Botánica del Nordeste,
Universidad Nacional del Nordeste (UNNE)-CONICET
Corrientes, Argentina

Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Jorge Cladera
Instituto de Genética "Ewald Favret",
Centro de Investigación en Cs. Veterinarias y
Agronómicas,
INTA Castelar, Argentina

Dra. Noemí Gardenal
Fac. de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales,
Universidad Nacional de Córdoba (UNC) y CONICET
Córdoba, Argentina

Dr. Juan César Vilardi
Depto. de Ecología, Genética y Evolución,
Fac. Ciencias Exactas y Naturales, UBA, y CONICET
Buenos Aires, Argentina

Genética Humana y Genética Médica

Dra. María Inés Echeverría
Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas,
Universidad Nacional de Cuyo (UNCu)
Mendoza, Argentina

Dr. Santiago Lippold
Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas
(CEMIC)
Buenos Aires, Argentina

Genética Molecular (Animal)

Dr. Guillermo Giovambattista
Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET),
CONICET-Fac. de Cs. Veterinarias, Univ. Nacional de La
Plata (UNLP)
La Plata, Argentina

Genética Molecular (Vegetal)

Dr. Alberto Acevedo
Centro de Investigación de Recursos Naturales,
INTA
Castelar, Argentina
Dr. Andrés Zambelli
Unidad de Negocios Nutrisun–Advanta Semillas SAIC
Balcarce, Argentina

Genética y Mejoramiento Animal

Ing. (M. Sc.) Carlos A. Mezzadra
Área de Investigación en Producción Animal,
EEA Balcarce, INTA y Fac. de Cs. Agrarias, UNMDP
Balcarce, Argentina
Dra. Liliana A. Picardi
Cátedra de Genética, Fac. de Cs. Agrarias,
Universidad Nacional de Rosario (UNR)
Zavalla, Argentina

Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

Dr. Miguel A. Di Renzo
Facultad de Agronomía y Veterinaria,
Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC)
Córdoba, Argentina
Dr. Ricardo W. Masuelli
EEA La Consulta, INTA
Fac. de Cs. Agrarias, Univ. Nacional de Cuyo (UNCu) y
CONICET,
Mendoza, Argentina
Dra. Mónica Poverene
Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur
(UNS) y CONICET
Bahía Blanca, Argentina

Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán
Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis,
Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) y
CONICET
La Plata, Argentina

Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto R. Prina
Instituto de Genética "Ewald Favret",
Centro de Investigación en Cs. Veterinarias y
Agronómicas,
INTA
Castelar, Argentina

Consultor Estadístico:

Ing. Agr. Francisco J. Babinec
EEA Anguil, INTA,
Fac. de Agronomía, Univ. Nacional de La Pampa
(UNLPam)
La Pampa, Argentina

FOTOGRAFÍAS Y AUTORES

Tapa



Achyrocline satureioides, "Marcela".
M.L. Echeverría



Vicuñas en Abrapampa, Jujuy.
P. Aguilera

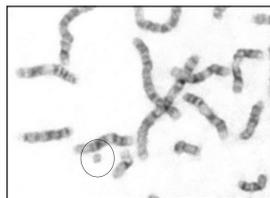


Flores chasmógama de *Bromus parodi* (sup.) y cleistógama de *B. brevis* (inf.).
G.A. Leofanti

Carátulas



CA
Bandas C en macho de *Oligoryzomys flavescens*.
M.B. Espinosa



CH
Marcador positivo para Y
C. Martínez Taibo



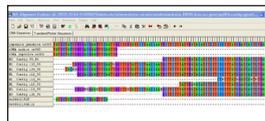
CV
Asincronía cromosómica en meiosis II de *Bromus brevis*.
G.B. Leofanti



EPG
Flores deformadas en la papa silvestre *Solanum ruiz-lealii*.
J.P. Raimondi



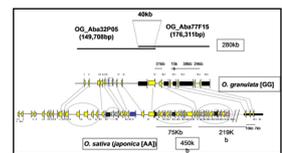
FG
Oxalis articulata Savigny ssp. articulata, "vinagrillo".
Con propiedades antiescorbútica y febrífuga.
M.L. Echeverría



GBIO
Alineación global de secuencias de arroz en MEGA.
A.C. Pontaroli



GEDU
Monasterio Agustino de Brno, República Checa.
J.E. Lúquez



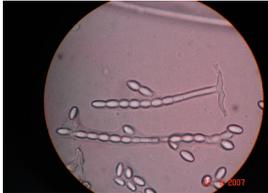
GGM
Alineación de *Oryza granulata* con *O. sativa* para la región Adh1.
A.C. Pontaroli



GMA
Toro Criollo, Argentina.
C.A. Mezzadra



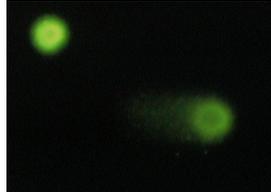
GMED
Provista por S. Lippold



GMI

Conidióforos y conidios en cadena de un oído.

A. del C. Ridao



MCTA

Cometa grado 1 y 3 en células de ovario de hamster chino.

A. I. Seoane

M.V. Ponzinibbio

Diseño de tapa, carátulas y maquetación:

Mauro Salerno

Nota: Los resúmenes y las descripciones de las fotografías se publican en este suplemento como fueron originalmente enviados por los autores, excepto por correcciones formales y ortográficas menores realizadas por los editores.



GMV

Segregación para tamaño de fruto en tomate.

R. Zorzoli



RRGG

Chrysolaena flexuosa, especie silvestre de valor ornamental potencial.

M.L. Echeverría



GPE

Zanahorias silvestres (*Daucus carota*), pcia de Buenos Aires.

E. L. Camadro

ÍNDICE

CONFERENCIAS	11
---------------------	-----------

SIMPOSIOS	21
------------------	-----------

FOROS	49
--------------	-----------

COMUNICACIONES LIBRES	67
------------------------------	-----------

CA. Citogenética Animal.....	67
CH. Citogenética Humana.....	75
CV. Citogenética Vegetal.....	85
EPG. Epigenética.....	97
FG. Farmacogenética.....	103
GBIO. Genética y Bioinformática.....	107
GEDU. Genética y Educación.....	113
GGM. Genómica y Genética Molecular.....	121
GMA. Genética y Mejoramiento Animal.....	137
GME. Genética Médica.....	151
GMI. Genética de Microorganismos.....	167
GMV. Genética y Mejoramiento Vegetal.....	173
GPE. Genética de Poblaciones y Evolución..	221
MCTA. Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental.....	227
RRGG. Recursos Genéticos.....	233

LISTADO DE AUTORES	240
---------------------------	------------



CONFERENCIAS

CONFERENCIA INAUGURAL “DR. FRANCISCO SÁEZ”

HISTORIA Y GEOGRAFÍA DEL NOROESTE ARGENTINO DESDE UNA PERSPECTIVA GENÉTICA

Dipierri JE.
Instituto de Biología de la Altura. Universidad Nacional de Jujuy.
e-mail: dipierri@inbial.unju.edu.ar

Las poblaciones humanas están constituidas por distintas estructuras (genética, biodemográfica, social, etc) parcialmente flexibles, lábiles e interdependientes. El análisis temporal y espacial de la interrelación entre estas estructuras jerárquicas permitiría profundizar el conocimiento de las mismas y de la dinámica microevolutiva de las poblaciones. Esta concepción de estructura poblacional se aplicó al análisis del Noroeste Argentino (NOA) partir de un diseño metodológico que incluyó, en un contexto histórico y geográfico, dos herramientas bioantropológicas: marcadores moleculares y frecuencia y distribución de los apellidos. No existe consenso sobre las provincias que integran NOA. Algunos autores incluyen a La Rioja porque junto a Jujuy, Salta, Santiago del Estero, Tucumán y Catamarca, mantienen una homogeneidad demográfica que justifica su inclusión en un conjunto espacial supra-provincial. Biogeográficamente el NOA integra la Región Neotropical y comparte los Dominios Amazónico, Chaqueño y Andino-Patagónico. Los 117 departamentos que integran el NOA se distribuyen en el gradiente altitudinal (<500 m a >3500 m) originado a partir de su singular configuración biogeográfica. Además de las características económicas y demográficas, contribuyen también a la identidad del NOA como región los antecedentes históricos, etnohistóricos y culturales. Basado en el asentamiento de las poblaciones parentales alóctonas extracontinentales (Euroasiática y Africana) y autóctona continental (Pueblos Originarios) se puede dividir el poblamiento del NOA en tres grandes fases: precolonial, colonial y de conformación del estado nacional. La estructura genético-isonímica del NOA se caracterizaría por una escasa diferenciación genética interpoblacional a nivel de los grandes centros urbanos, aislamiento por distancia, con una gran diferenciación genética entre sus subpoblaciones departamentales, alta consanguinidad en los subconjuntos departamentales más aislados no integrantes de las ciudades capitales de provincia y grados variables de miscegenación de acuerdo a

los marcadores considerados pero que en general revelan una contribución amerindia preponderante, seguida por la europea y africana. Las estructuras genética e isonímica son coincidentes con los atributos demográficos, los antecedentes históricos del poblamiento de la región y las particularidades geográficas del NOA. Esta coherencia permitiría concluir que la estructura poblacional del NOA se encontraría determinada básicamente por la condición migratoria y el aislamiento relativo de sus poblaciones.

CONFERENCIA PLENARIA “Ewald A. Favret”

CONTRIBUCIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS ANIMALES A LA BIODIVERSIDAD NACIONAL: ¿FOLCLORE O REALIDAD?

Mezzadra CA. Unidad Integrada Balcarce EEA INTA- FCA UNMDP
e-mail: cmezzadra@balcarce.inta.gov.ar; mezzadra.carlos@inta.gov.ar

Los Recursos Genéticos Animales (RGA) contribuyen a la biodiversidad general de manera decisiva. Son un componente vital de los sistemas productivos, ya que son responsables del aporte de productos cruciales para el desarrollo del hombre y la subsistencia de sus comunidades. La diversidad animal ha permitido operar a la selección direccional así como la adaptación de los animales a condiciones ambientales cambiantes. Sin embargo, y pese a su importancia, actualmente es factible observar estrechez de la base genética en un gran número de poblaciones animales, que les ha provocado grados variables de vulnerabilidad, en particular, aquellas que poseen número poblacional reducido. Existen estimaciones que alrededor de un 20% de las razas animales en el mundo estarían expuestas a algún tipo de amenaza genética, yendo ésta desde la erosión genética hasta la extinción total. Es por ello que se han promovido acciones urgentes de conservación, uso sostenible y creación de capacidades, a fin de enfrentar y mitigar la pérdida de diversidad animal. Argentina no ha sido una excepción en este sentido y desde hace décadas se está trabajando de manera positiva, y aunque si bien se han conseguido logros de importancia, falta aún mucho por hacer. A nivel de RGA, se han realizado trabajos de caracterización de razas/especies animales, y se ha avanzado en aspectos de uso sostenible de los recursos sin disociarlos del ambiente donde producen ni de las comunidades que los crían. La filosofía de la conservación ha sido establecida bajo la modalidad mediante uso, por entender que ajusta bien a

situaciones de escasez de recursos económicos y a planteos de adaptación a cambios permanentes. Los nuevos desafíos a que nos enfrentamos en el corto plazo son la utilización sostenible de los recursos y la adaptación de las poblaciones animales al cambio climático y a la expansión de la frontera agrícola; es allí donde la biodiversidad dentro de las poblaciones animales jugará un papel trascendental: continuar produciendo de manera amigable desde el punto de vista ambiental y al mismo tiempo conseguir adaptación a un conjunto de condiciones que no favorece a la producción animal a la luz del avance de la frontera agrícola. La formulación de políticas específicas para el sector es una materia pendiente, y para ello se deberá avanzar necesariamente en definiciones a nivel nacional sobre el acceso a los RGA y la participación de los beneficios emergentes del uso de los mismos. La contribución de los RGA a la biodiversidad animal es una realidad que desde el plano de la soberanía nacional, la convierte en estratégica.

ENFERMEDAD DE FABRY: IMPORTANCIA DE LA GENÉTICA EN EL DIAGNÓSTICO PRECOZ Y TRATAMIENTO OPORTUNO

Valdez RM. Servicio de Genética, Hospital Militar Central "Cir. My. Dr. Cosme Argerich", y Departamento Neuropediatría, Instituto de Investigaciones Neurológicas Raúl Carrea - F.L.E.N.I. Buenos Aires, Argentina.
e-mail: ritavaldez@hotmail.com

La enfermedad de Fabry es una patología genética, producida por mutaciones en el gen *GLA* que codifica para la enzima lisosomal Alfa-Galactosidasa A. El inicio de la fisiopatogenia es la acumulación paulatina de glicoesfingolípidos neutros dentro de los lisosomas celulares, en especial GB3. También se la considera una patología microangiopática, en la que intervienen factores protrombóticos que predisponen al desarrollo de las complicaciones que aparecen en el curso de la enfermedad. Es una patología crónica, progresiva, multisistémica, cuyos síntomas se inician en la infancia y se van agravando en el transcurso de la vida del paciente. El locus génico se encuentra en Xq22. Si bien previamente se la consideraba una enfermedad ligada al X recesiva, hoy existen datos que demuestran que tanto hombres como mujeres pueden presentar signos y síntomas en magnitudes comparables, aunque en heterocigotas la afectación se observa a edades más avanzadas. Estas observaciones no son compatibles con un patrón ligado al X recesivo, tampoco dominante. Los estudios realiza-

dos sobre el grado de silenciamiento del cromosoma X no han mostrado datos concluyentes. Como en otras patologías genéticas, existe gran variabilidad fenotípica intrafamiliar, y la gran mayoría de las mutaciones reportadas son privadas. Todo esto hace que la Enfermedad de Fabry sea un modelo muy interesante para estudiar los factores genéticos y epigenéticos que modifican su expresión, en especial en heterocigotas. El papel de médico genetista es clave para la identificación precoz, en especial de familiares aún no detectados, a través de la confección y análisis del árbol genealógico. Del mismo modo son muy importantes los aportes que todas las áreas de la Genética Bioquímica y Molecular han realizado en el diagnóstico, así como los avances en Biotecnología que han permitido desarrollar terapéuticas específicas. Hoy la Enfermedad de Fabry es una de las pocas patologías genéticas con tratamiento posible, que puede cambiar el curso natural de la enfermedad y prevenir las secuelas irreversibles. Es imprescindible un abordaje multidisciplinario por un equipo de especialistas comprometidos con el tratamiento y seguimiento de estos pacientes. Ése es el desafío.

ESPECIACIÓN INDUCIDA POR BACTERIAS: *Wolbachia* Y LA ZONA HÍBRIDA DE *Chorthippus parallelus* (ORTHOPTERA)

Bella JL. Dpto. de Biología (Genética), Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, E28049, Madrid, España.
e-mail: bella@uam.es

Chorthippus parallelus parallelus y *Chorthippus parallelus erythropus* son dos subespecies de saltamontes cuya distribución solapa en los Pirineos, donde forman una "zona híbrida" (ZH) en aquellos puntos en los que la orografía y sus requerimientos ecológicos lo permiten. Esta ZH representa un contacto secundario entre poblaciones endémicas ibéricas (Cpe) y de la Europa continental (Cpp), que se expandieron después de la última glaciación cuaternaria desde los refugios en los que habían divergido genéticamente en alopatria. Las diferencias morfológicas, fisiológicas, genéticas y de comportamiento entre estas subespecies (y sus híbridos naturales y de laboratorio) han sido intensamente estudiadas en estos últimos años, por lo que esta ZH se considera un modelo singular en Biología Evolutiva. Estos estudios muestran un escenario complejo, con diversas causas involucradas en el origen, estructura y mantenimiento de dicha ZH, y ofrecen una

muy buena panorámica de la evolución “en acción”. El flujo génico restablecido en estas áreas concretas pirenaicas permite estudiar un proceso de especiación que aún no sabemos si es incipiente, o si está siendo revertido. Por otra parte, *Wolbachia* es una bacteria endosimbionte obligada que induce alteraciones en la reproducción de diversos organismos, fundamentalmente artrópodos y nematodos. En diversos estudios hemos profundizado en la Biología de este microorganismo, y comprobado que en la ZH de *Chorthippus* genera una barrera reproductiva considerable, posiblemente desde su mismo origen, lo que respalda que esta bacteria pueda estar involucrada en fenómenos de especiación (“especiación por infección” o “especiación infecciosa”). Además, hemos descubierto la existencia de tres patrones biogeográficos de la infección por los supergrupos F y B de *Wolbachia* involucrados: uno de ellos, característico de las poblaciones híbridas, coincide con la presencia de bacterias recombinantes para dichos supergrupos, lo que representa un interesante caso de coevolución y coadaptación de los genomas implicados (bacteriano y del hospedador).

HLA Y ENFERMEDAD CELÍACA

Graciela Bierfass

Hospital Durand Unidad Inmunología e Histocompatibilidad. Sección Histocompatibilidad.

e-mail: gbierfass@yahoo.com.ar

La tipificación HLA para enfermedad celíaca (EC) tiene un alto valor predictivo negativo. Los alelos asociados con la enfermedad son DQ2 y/o DQ8. En el caso del DQ2 no todos los alelos están implicados en la patogenia de la enfermedad. Solamente son capaces de presentar péptidos derivados de la gliadina aquellos cuyas cadenas beta-2 se asocian con la cadena alfa-5, en forma cis o trans (mecanismo de transasociación de alelos heredados). Es necesario establecer una tipificación completa (genes de cadena alfa y beta) a fin de establecer con precisión las variantes alélicas vinculadas con susceptibilidad a enfermedad celíaca. Las combinaciones descriptas son:

HLA DQ2.5 homocigota:

DQA1*0501/DQB1*0201 (95%).

La mayoría se presenta con desequilibrio de ligamento con DR3.

DR3-DQ2.5 homocigotas:

DRB1*0301, DQA1*0501-DQB1*0201

HLA DQ2.2-DQ2.5 heterocigota:

DR3-DQ2.5: DRB1*0301, DQA1*0501-DQB1*0201

DR7-DQ2.2: DRB1*07, DQA1*0201-DQB1*0202
HLA-DQ2.2-DQ7.5 heterocigota

DR5-DQ7.5 :DRB1*11/12, DQA1*0505-DQB1*0301

DR7-DQ2.2: DRB1*07, DQA1*0201-DQB1*0202
HLA-DQ8

HLA-DQ8: DQA1*0301/DQB1*0302 (5%)

La mayoría se presenta con desequilibrio de ligamento con DR4. Estos estudios serán solicitados en casos con discordancia en los resultados de laboratorio (estudios de “Sreening” a través de anticuerpos séricos: dosaje de inmunoglobulina A total, anticuerpos anti-gliadina, anticuerpo anti-trasglutaminasa tisular, anticuerpo anti-endomisio, conjuntamente con un estudio de laboratorio general. Se valorará de acuerdo a los síntomas digestivos típicos o atípicos la necesidad de realizar una video endoscopia digestiva alta con toma de biopsia duodenal lo cual permite la estadificación anatomopatológica llamada de Marsh. El estudio genético para HLA DQ nos aporta hasta el 40% del riesgo de la enfermedad. Sólo 3% va a desarrollar EC.

GENÉTICA DE LA ESQUIZOFRENIA EN LA ERA POST-GWAS: LA FENÓMICA Y EL APRENDIZAJE DE MÁQUINAS

de Erausquin GA. Roskamp. Laboratory of Brain Development, Modulation and Repair, Morsani College of Medicine, University of South Florida, USA

e-mail: gdeeraus@health.usf.edu

Los estudios de GWAS (*Genome-wide association studies*) han producido vastísimas cantidades de información sobre los factores genéticos predisponentes a las enfermedades complejas, pero los hallazgos individuales han sido muy difíciles de reproducir y aun más difíciles de interpretar. Las técnicas de análisis de datos basadas en el aprendizaje de máquinas (*data mining, machine learning*) permiten interrogar los datos obtenidos a partir de paneos de todo el genoma con un enfoque no sesgado que retiene mucha más información que los métodos de la estadística genética clásica. La heredabilidad oculta de la esquizofrenia y otros síndromes complejos está latente (distribuida) en la totalidad del material genético, y se expresa en fenotipos intermedios. Para descubrir la información latente desarrollamos un método (PGMRA) que utiliza los principios

de la fenómica para identificar juegos de SNPs que conforman estructuras complejas (relaciones genotipo-fenotipo) descubiertas sin supervisión de la búsqueda con la información diagnóstica. Estas relaciones se usan a posteriori para predecir el riesgo individual.

FUTURO DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO ANIMAL Y EL USO DE LAS NUEVAS TECNOLOGÍAS

Toro MA. Dept. Producción Animal, ETSI Agrónomos, Univ. Politécnica Madrid, España
e-mail: miguel.toro@upm.es

El mejoramiento animal está basado en tres principios: (a) la variabilidad (los individuos difieren entre sí para muchos caracteres); (b) la herencia (los individuos emparentados se parecen más que los no emparentados); y c) selección (los individuos con un mayor valor mejorante estimado son los que contribuyen a la siguiente generación). Partiendo de estos principios revisamos lo que cabe esperar en el futuro de la mejora genética animal. Con respecto al primer principio se están poniendo de manifiesto nuevas formas de variación consideradas cada vez más importantes: secuenciación de la segunda generación, variación en el número de copias (CNV) y microARNs. CNV refiere a segmentos de ADN para los que existen diferencias entre dos o más genomas. MicroARNs son moléculas de ARN de una sola cadena de 21 a 23 nucleótidos de longitud que regulan la expresión génica. Con respecto al segundo principio se comenta la relevancia de la herencia no-mendeliana también conocida como efectos epigenéticos. Los más conocidos son los debidos a la impronta genómica. Se trata de un fenómeno genético por el que ciertos genes se expresan sólo si se han heredado del padre (IGF2) o si se han heredado de la madre (H19 o CDKN1C). Con respecto a la selección artificial hay que enfatizar la importancia cada vez mayor de la selección para caracteres sociales que puedan contribuir tanto a la productividad como al bienestar animal. Por último se analiza el impacto de la denominada selección genómica que probablemente va a revolucionar el panorama de la mejora genética en los próximos años.

CÁNCER HEREDITARIO. BASES GENÉTICAS Y CLÍNICAS. IMPORTANCIA EN LA ERA ACTUAL

Lina M. Núñez. Coordinadora Plan Nacional de Tumores Familiares y Hereditarios. Instituto Nacional del Cáncer. Staff Sección Genética Médica, CEMIC, y Staff Servicio Oncología del Hospital Alemán de Bs. As.
e-mail: linamnunez@gmail.com

En la actualidad, el cáncer es considerado una enfermedad genética compleja y heterogénea, en la que herencia, ambiente y hábitos de vida interactúan a lo largo de un espectro continuo de causas, que van desde los casos con mayor riesgo (cánceres hereditarios) hasta aquellos que ocurren por simple azar (cánceres esporádicos). En la zona central del espectro, se encuentran los casos donde existe una predisposición genética variable dada por el conjunto de genes constitutivos de ese individuo, sobre el cual actúan diferentes factores de riesgo (exógenos o endógenos), que llevan a desencadenar la enfermedad. De todos los factores conocidos que aumentan el riesgo de aparición de cáncer, la herencia es el factor de riesgo aislado con más peso, principalmente en familiares cercanos y este riesgo aumenta mientras más temprana es la edad de aparición en el familiar afectado y mayor el número de casos en la genealogía. La agregación familiar es un fenómeno muy común en algunos tumores, lo que revela la importancia de la historia familiar como factor de riesgo. La identificación y caracterización correcta de los pacientes con alto riesgo de padecer cáncer forma parte del estándar de cuidado que todo especialista debe ofrecer como parte de la práctica clínica habitual. En Argentina, la creación reciente del Plan Nacional de Tumores Familiares y Hereditarios, dependiente del Instituto Nacional del Cáncer de Argentina, tiene como principal objetivo mejorar la detección, manejo y prevención de grupos de alto riesgo de cáncer en la población Argentina. Esta tarea se realizará a través de cuatro ejes de acción: 1) capacitación profesional, 2) detección y asistencia, 3) registro nacional e investigación, 4) difusión a la comunidad.

GENÉTICA Y BIOÉTICA. PRINCIPIOS Y NORMAS DE CUMPLIMIENTO OBLIGATORIO EN LA REPÚBLICA ARGENTINA

Martínez Picabea de Giorgiutti, E, Chumamaya CC. Villa de Merlo.
Provincia de San Luis.
e-mail: empgiorgiutti@gmail.com

Las regulaciones bioéticas vigentes en la República Argentina constituyen un cuerpo normativo elaborado sobre la base de documentos internacionales preexistentes, y a los cuales nuestro país ha adherido. Son, por lo tanto, de cumplimiento obligatorio. Algunas normas rigen en el orden nacional, en tanto que otras tienen vigencia específica en jurisdicciones provinciales o institucionales. En esta conferencia se revisan aquellas normativas que se relacionan con investigaciones genéticas en general, y también las que expresan – en particular – los requisitos a ser considerados en trabajos que involucran a seres humanos, incluso los relativos al uso y manejo de animales de laboratorio. Se puntualizan los argumentos centrales de los principales documentos de referencia: entre otros, los promulgados por la Organización Mundial de la Salud, por Naciones Unidas, por la Asociación Médica Mundial, y por el Consejo de Organizaciones Internacionales de las Ciencias Médicas. También se revisan las normativas relacionadas con la producción, manejo y comercialización de Organismos Genéticamente Modificados, especialmente en lo referente al resguardo de la salud humana y a la conservación del medio ambiente.

GENOMAS COMO BOSQUES. MUCHO MÁS QUE UNA ANALOGÍA POÉTICA

Dopazo H. Laboratorio de Genómica Biomédica y Evolución. Instituto de Genómica Humana. CONICET. Av. Córdoba 831. Piso 7. CP 1054. CABA. Argentina.
e-mail: hdopazo@bndg.gob.ar ; www.hdopazolab.com

¿Hay alguna relación entre los patrones de abundancia y diversidad de las especies que habitan las comunidades ecológicas y los que se observan en los elementos que conforman los genomas eucariotas? ¿En qué medida la abundancia y diversidad de los elementos que “habitan” un genoma eucariota refleja la acción de procesos adaptativos o neutrales? En esta conferencia mostraré que un único proceso estocástico asociado a un escaso número de parámetros permite ajustar el patrón de abundancia rela-

tiva y de diversidad de especies genéticas (SINEs, LINEs, LTR, small-RNA, DNA-Transposons, Satellite, Simple-Repeat, Low- Complexity, etc.) a lo largo de una gran diversidad de genomas eucariotas desde los organismos unicelulares del plancton hasta los mamíferos. El modelo de ecología genómica formulado en este trabajo [1] es una derivación genómica de la Teoría Neutra de la Biodiversidad desarrollada por *Stephen Hubbell* [2] para la ecología de comunidades e inspirada originalmente en el neutralismo evolutivo de Motoo Kimura y Sewal Wright. Nuestro estudio aplicado a más de 450 cromosomas de organismos eucariotas no puede rechazar la hipótesis que sostiene que la abundancia y la diversidad de elementos funcionales y no funcionales en los genomas eucariotas es consecuencia de un proceso fundamentalmente neutro, donde la selección natural no parece haber dejado huella alguna. Nuestra hipótesis sostiene que, a grandes escalas temporales un único proceso neutral, o casi neutral, parece gobernar la evolución de la diversidad y la abundancia de las especies en al menos ambos extremos de la organización biológica (genomas y comunidades). ¿Por qué las diferencias adaptativas de nicho resultan superfluas a escala de comunidades ecológicas o genomas? Los ecólogos piensan que distintos *trade-offs* podrían compensar las diferencias selectivas de especies en los ecosistemas; por ejemplo, las especies con altas tasas de dispersión no son buenas competidoras locales. En los genomas aún no hay evidencias sobre compensaciones selectivas, aunque se comienza a reconocer el papel neutral de la enorme abundancia de transcritos del genoma humano [3,4]. Independientemente de la respuesta, esta hipótesis debe ser considerada como un modelo nulo general si se intenta considerar mecanismos alternativos que expliquen la dinámica de la comunidad de elementos genéticos que conforman los genomas eucariotas.

1. Serra F, Becher V, H. Dopazo. Neutral Theory Predicts the Relative Abundance and Diversity of Genetic Elements in a Broad Array of Eukaryotic Genomes. PLoS One. En prensa.
2. Hubbell, S. P. (2001). The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography. Princeton University Press.
3. Ohta, T. (2011). Near-neutrality, robustness, and epigenetics. *Genome Biology and Evolution*, 3, 1034–1038.
4. The Encode Project Consortium, (2012). An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature*, 488 (7414), 57–74.

APLICACIÓN DE LA REPROGRAMACIÓN CELULAR AL ESTUDIO DE ENFERMEDADES GENÉTICAS

Pitossi FJ. Fundación Instituto Leloir- IIBBA CONICET. Patricia Argentinias 435, Buenos Aires, Argentina
e-mail: fpitossi@leloir.org.ar

Las células madre poseen dos características diferenciales: se autorrenuevan y pueden diferenciarse a otro tipo celular. Hasta recientemente existían dos grandes grupos de células madre: las adultas y las embrionarias. Las adultas son las que regeneran el *pool* de células del organismo adulto, pudiendo encontrarse las células madre hematopoyéticas, neurales, dérmicas, de cordón umbilical, etc. Un segundo tipo, las embrionarias, presentan la capacidad de diferenciarse en todos los tejidos adultos (células pluripotentes). A partir de los trabajos de Takahashi y Yamanaka en 2006 existe un tercer tipo de célula madre: las células madre pluripotentes inducidas (iPS por sus siglas en inglés) (Takahashi et al, 2006, Cell; 126(4):663-76). Estas células tienen como origen a células adultas tales como fibroblastos o células sanguíneas y a partir de la transfección con 4 genes (Oct3/4, Klf-4, c-Myc y Sox-2) se convierten en células con capacidad pluripotente, es decir pueden dar origen a cualquier tipo celular. Las iPS pueden ser cultivadas por largos pasajes, conservando las características de pluripotencialidad tal como lo hacen las células madres embrionarias (Takahashi et al, 2006, Cell; 126(4):663-76). La existencia de iPS abre una posibilidad antes no imaginada en el campo de las terapias celulares. Esto es así ya que combinan la ventaja de poder originarse en el mismo paciente en el que serán utilizadas, evitando posibilidades de rechazo (como las células madre adultas) pero al mismo tiempo poseen la posibilidad de ser diferenciadas a cualquier tipo celular (como las células madre embrionarias). Asimismo, desaparece cualquier debate ético sobre la fuente celular de estas células ya que se parte de células adultas. Finalmente, las fuentes celulares para generar iPS son de fácil acceso. Existe una visión consensuada de que esta nueva tecnología será una herramienta indispensable en la investigación de enfermedades, el testeo pre-clínico de drogas y en la generación de nuevas terapias. En esta conferencia se presentará el escenario de la investigación traslacional en células madre con énfasis en las distintas metodologías de reprogramación celular, sus aplicaciones en el modelaje *in vitro* de enfermedades genéticas, su utilización en el testeo de drogas y ensayos de toxicidad y sus

aplicaciones futuras. Asimismo, se presentará a PLACEMA, la plataforma tecnológica sin fines de lucro que ofrece servicios de reprogramación celular financiada por el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva.

GENOMIC APPROACHES TOWARDS THE CONSERVATION OF GENETIC RESOURCES OF PHASEOLUS BEANS

Cepts P. University of California, Department of Plant Sciences /MS1, Section of Crop & Ecosystem Sciences, Davis, California, USA
e-mail: plgepts@ucdavis.edu

Phaseolus beans are the most important grain legumes for direct human consumption in the world. In some countries, especially in Central Africa, they constitute the major source of dietary protein. They also are a source of vitamins, minerals, and fibers and play a role in controlling heart disease and diabetes. In Argentina, common bean (*P. vulgaris*) is primarily an export crop with two main seed types: small black beans of Mesoamerican origin and larger *alubia*-type white beans of Andean origin. Argentina also contains part of the distribution of the wild, conspecific relatives of two of the five domesticated *Phaseolus* species, common bean and lima bean (*P. lunatus*). These wild resources are becoming increasingly important as additional sources of genetic diversity for the improvement of their respective domesticates. In this presentation, I will discuss two cases where structural genomics has been used to increase our understanding of genetic diversity of *Phaseolus* beans and, therefore, facilitate its use for varietal improvement. In the first case, we investigated the molecular basis of the determinacy trait (terminal inflorescence). Determinacy is important in some varietal groups like the alubias because it acts as an earliness factor, shortens the flowering duration, and keeps plant types more compact. It can also be considered a domestication trait in that this trait is only found among bush domesticated types but not wild types. To identify the gene(s) underlying this phenotype, we first attempted to identify *P. vulgaris* sequences that are homologous to *Arabidopsis* gene sequences controlling flowering time. Of these, one sequence – *PvTFL1γ* – co-segregated in a small population with the phenotype and provided a first indication of its potential as a candidate gene. Further analyses confirmed the actual role of *PvTFL1γ* in controlling determinacy. These include studies of co-segregation in a much larger

population, quantitative PCR showing a strong reduction in expression, consistent with the recessive nature of determinacy, and, last but not least, complementation in *Arabidopsis* with a functional *P. vulgaris* sequence leading to the restoration of the wild-type phenotype. The *PvTFL1γ* shows a remarkable repertoire of variation all leading to a determinate phenotype. A second case to be discussed is the spatial variation among bean landraces in Brazil. A set of 280 geo-referenced accessions were analyzed at the molecular level with some 70, mostly microsatellite markers, at the phenotypic level with morphological and agronomic traits, and eco-geographically using geographic information systems. These analyses identified a group of landraces – so-called mulatinhos – that are growing in significantly drier and warmer parts of Brazil. Furthermore, the analyses identified a limited number of markers that were correlated with drought. This type of association mapping with eco-geographic data promises to facilitate the characterization of large gene banks by focusing on specific accessions for more in-depth study. The two cases will be discussed with regard to genetic redundancy and its possible biological consequences for transgressive segregation, which is often observed in plant breeding experiments.



SIMPOSIOS

GENÉTICA DE ENFERMEDADES NEUROLÓGICAS

Coordinador: Fumagalli E.

Facultad de Ingeniería/Instituto de Biología de la Altura, Universidad Nacional de Jujuy.

e-mail: emifumagalli@hotmail.com

La etiología de muchas enfermedades neurológicas involucra múltiples factores que interactúan de maneras complejas. La disección de los factores involucrados ha resultado una tarea muy ardua. Sin embargo, el avance de la tecnología asociada a la multidisciplinariedad de la investigación está permitiendo una mejor comprensión de los factores intervinientes, como así también ha mejorado la posibilidad del diagnóstico y pronóstico de algunas enfermedades neurológicas. Metodologías como microarreglos de ADN, estudios de asociación de genoma completo y secuenciación Next-Gen, están proveyendo importantes y novedosos datos sobre enfermedades monogénicas, como así también sobre grupos de genes que influyen en enfermedades complejas. El advenimiento de las células pluripotenciales inducidas, obtenidas por reprogramación celular, también constituye un paso sumamente importante para la investigación de patologías que afectan al sistema nervioso. Estas células se pueden reprogramar para generar el tipo celular responsable de la enfermedad, y luego pueden ser utilizadas para probar nuevas hipótesis sobre el origen y progresión de la enfermedad. En este simposio se discutirá cómo algunas de estas nuevas metodologías y tecnologías están impactando en la comprensión y diagnóstico de algunas enfermedades neurológicas. La etiología de muchas enfermedades neurológicas involucra múltiples factores que interactúan de maneras complejas. Si bien los factores biológicos y los ambientales convergen para dar como resultado la enfermedad, la función o la expresión alterada de genes es considerada una de los factores más importantes en el desarrollo del fenotipo asociado a las enfermedades complejas del sistema nervioso. El avance de la tecnología y de los trabajos multidisciplinarios estimuló el surgimiento de nuevas tecnologías que permiten la generación de grandes cantidades de datos de manera rápida, objetiva y relativamente barata, que han permitido importantes avances en el estudio de la expresión génica y la genómica.

UTILIZACIÓN DE TECNOLOGÍAS GENÓMICAS EN EL DIAGNÓSTICO Y LA INVESTIGACIÓN DE LOS TRASTORNOS NEUROGENÉTICOS

Kauffman MA. Consultorio y Laboratorio de Neurogenética. Centro Universitario de Neurología JM Ramos Mejía. IBCN Eduardo de Robertis. Facultad de Medicina. UBA. CONICET

e-mail: marcelokauffman@marcelokauffman.info

La patología Neurogenética, considerada en forma grupal, no es rara. Existen cientos de enfermedades genéticas monogénicas con manifestaciones principales en el sistema nervioso. Las nuevas tecnologías de secuenciación genómica masiva están llamadas a producir un cambio paradigmático produciendo un impacto notable a corto plazo en el estudio de las causas moleculares de los desórdenes monogénicos. Dicho cambio ha atravesado también el campo de la Neurología, permitiendo no sólo la identificación de genes causales, sino además un mayor entendimiento de las bases fisiopatológicas que subyacen a diferentes enfermedades generando la posibilidad del desarrollo de nuevos tratamientos. Sin embargo, las dificultades y desafíos de la interpretación y utilización cabal de la genómica en la práctica neurogenética clínica hacen necesario el desarrollo de nuevos enfoques analíticos. Presentaremos un panorama de las herramientas de secuenciación masiva y de los algoritmos de interpretación de la información genética en vistas a su próxima utilización en el campo de la Neurogenética Clínica.

MOSAICISMO GENÉTICO EN EL CEREBRO Y SUS POTENCIALES IMPLICANCIAS EN LA COGNICIÓN Y ENFERMEDADES

Argibay PF. Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental del Hospital Italiano de Buenos Aires

e-mail: pablo.argibay@hospitalitaliano.org.ar

Los denominados elementos transponibles (TEs), conocidos como genes saltarines (*jumping genes*), son piezas discretas de ADN que pueden desplazarse dentro, e incluso entre genomas. Aproximadamente un 45% del genoma humano está ocupado por TEs; y de estos la mayoría son retrotransposones, elementos que se duplican a través de intermediarios de ARN que son transcritos reversamente e insertados en nuevas localizaciones en el genoma. Los retrotransposones con repeticiones terminales no-largas (*non-long terminal repeat*), seguirían estando activos, afectando el genoma. Particularmente L1 (*Long interspersed element-1*),

posee una “maquinaria” completa para retrotranscribirse e integrarse en diferentes partes del genoma. Básicamente L1 posee, proteínas con actividad de promoción, ligado, corte y transcripción reversa. En relación al sistema nervioso central, particularmente al hipocampo, existe evidencia de que L1 es capaz de producir mosaicismos genéticos y somáticos. Es decir L1 podría generar a través de los progenitores neurales la presencia de múltiples poblaciones de neuronas con distintos genotipos en el mismo individuo. La actividad de L1 en los progenitores neurales estaría regulada por las vías de señalización de Wnt, SOX2 y NeuroD1, vías claves en el proceso de neurogénesis del adulto. Recientes investigaciones plantean que el mosaicismos derivado de la retrotransposición podría ser una fuente de plasticidad de los circuitos genéticos subyacente a diversos procesos normales y patológicos en el sistema nervioso central.

ENFERMEDADES NEUROLÓGICAS: DESDE LA CLÍNICA A LA GENÉTICA

Valdez RM. Servicio de Genética (Hospital Militar Central “Cir. My. Dr. Cosme Argerich”), y Departamento Neuropediatría (Instituto de Investigaciones Neurológicas Raúl Carrea - F.L.E.N.I.). Buenos Aires, Argentina.
e-mail: ritavaldez@hotmail.com

Las enfermedades neurológicas constituyen un grupo heterogéneo y complejo de patologías, teniendo en cuenta la diversidad clínica y etiológica subyacente en ellas. Son patologías que en conjunto constituyen un problema de Salud Pública importante por sus consecuencias funcionales y curso crónico e invalidante de la mayoría de ellas. Los avances vertiginosos en técnicas de diagnóstico molecular y en investigación básica han permitido confirmar numerosas causas genéticas previamente sospechadas, e identificar otras tantas nóveles. Estos descubrimientos han determinado que muchas patologías clínicamente diferentes hayan sido relacionadas a través de un mismo gen o vía patogénica, y por otro lado definir la heterogeneidad genética de un mismo cuadro sindrómico. No hacen más que confirmar la complejidad de mecanismos necesarios para el establecimiento y mantenimiento de las funciones nerviosas, en cualquiera de sus etapas. Las clasificaciones nosológicas previas se han transformado en los últimos años en subclasificaciones moleculares, a partir del o los genes involucrados. Todos estos conocimientos están al alcance de los profesionales así como de cada uno de los pacientes y sus familias, lo que nos estimula a mantenernos

en constante actualización. Actualmente, en nuestro país se realizan algunos estudios moleculares para las patologías más frecuentes, mientras que para la amplia mayoría de las pruebas genéticas se debe recurrir a su realización en laboratorios del exterior. Paulatinamente esa brecha va disminuyendo, ya que en los últimos años existe un interés creciente por formar grupos de especialistas en Neurogenética, que han podido desarrollar el conocimiento en técnicas moleculares necesarias para identificar las etiologías genéticas de numerosas enfermedades neurológicas.

DETECCIÓN, CARACTERIZACIÓN, CONSERVACIÓN Y USO DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES DE PLANTAS Y ANIMALES

Coordinadora: Camadro EL. EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP; CONICET. Argentina.
e-mail: ecamadro@balcarce.inta.gov.ar

En el siglo XX se crearon los principales bancos de germoplasma del mundo para conservar *ex situ* muestras de diversidad biológica, cuando recién comenzaban a vislumbrarse las potencialidades de los recursos genéticos vegetales y animales en el mejoramiento genético y otros fines aplicados. A partir de la firma del Convenio sobre Diversidad Biológica en 1992, toma relevancia la conservación *in situ* de parientes silvestres de cultivos y animales domésticos, con la designación y gestión de áreas naturales para manejar y monitorear la diversidad genética natural. Las muestras de poblaciones de plantas se incorporan usualmente a los bancos de germoplasma con categoría específica según fenotipos morfológicos, lo que presupone que los distintos grupos están al final del proceso de especiación. Al no considerarse la variabilidad esperable en la naturaleza, se descartan plantas “fuera de tipo”, por lo que las colecciones no conservan las frecuencias alélicas de las poblaciones muestreadas, produciéndose erosión genética. La variabilidad natural es muy amplia y atribuible a causas genéticas y ambientales; más recientemente, se han detectado causas epigenéticas. El entendimiento de las bases de la variabilidad observada en plantas y animales es fundamental para desarrollar estrategias de conservación y uso de recursos genéticos, evitando la deriva genética y reduciendo costos operativos. Por eso, el objetivo de este simposio es presentar una aproximación genética al muestreo, caracterización, conservación y utilización de recursos genéticos.

ESTRUCTURA GENÉTICA, ENFOQUES DE MUESTREO Y CLASIFICACIÓN DE POBLACIONES PARA CONSERVACIÓN Y USO DE GERMOPLASMA

Camadro EL. EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP; CONICET. Argentina.
e-mail: ecamadro@balcarce.inta.gov.ar

En plantas, los bancos de germoplasma fueron creados para mantener muestras de poblaciones naturales como colecciones de propágulos sexuales y/o asexuales. Desde hace algún tiempo, son activos en la provisión de germoplasma con fines aplicados. Usualmente, las colecciones se incorporan en los bancos con categoría específica en base a fenotipos morfológicos, usando holotipos (Concepto Taxonómico de Especie). Ello presupone que los distintos grupos están al final del proceso de especiación; por eso no se considera la variabilidad morfológica y genética esperable en la naturaleza. Los datos de pasaporte contienen fecha de colección y coordenadas geográficas, siendo escasa o nula la información sobre comportamiento reproductivo de las poblaciones muestreadas y, entre otros, distribución espacial de plantas muestreadas, número de plantas y de órganos reproductivos muestreados/planta, y composición final de la colección. Así, no puede saberse si las colecciones conservan las frecuencias alélicas de las poblaciones muestreadas y si se ha evitado la deriva génica. Limitaciones similares se observan en la multiplicación *ex situ*. Para entender la variabilidad natural es necesario conocer la biología reproductiva de las poblaciones muestreadas. Más aún, la elección de materiales genéticos y enfoques de clasificación del germoplasma silvestre tienen consecuencias directas en la conservación *ex situ* de frecuencias alélicas y en la eficiencia en el uso. Es necesario discutir interdisciplinaria y objetivamente el tema para evitar/minimizar la erosión genética y disminuir costos operativos.

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y EPIGENÉTICA DE GERMOPLASMA SILVESTRE MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES.

Masuelli RW. INTA, IBAM-CONICET; FCA-UNCuyo. Argentina.
e-mail: rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

Las poblaciones naturales presentan una amplia variación fenotípica que tradicionalmente se divide en variación genética y ambiental. Estudios recientes demuestran que una nueva fuente de variación, influenciada por el ambiente, llamada herencia epigenética, tiene importancia en

la variabilidad fenotípica observada. Mecanismos como la metilación de ADN e histonas y el RNA de interferencia constituyen un sistema de herencia epigenética que actúa en la interfase entre el control genético y el ambiente. Los patrones epigenéticos que se establecen en plantas pueden ser heredados como alelos epigenéticos o “epialelos” por varias generaciones. En este momento las técnicas de biología molecular permiten analizar tanto la variabilidad genética como epigenética en poblaciones naturales y de esta manera es posible estimar el nivel de polimorfismo y la estructura genética y epigenética de las poblaciones. Como ejemplo, se presentan resultados sobre el análisis de la variabilidad genética y epigenética en poblaciones naturales de especies tuberosas de *Solanum*.

CONSERVACIÓN *IN SITU* DE GERMOPLASMA SILVESTRE EN ARGENTINA: EJEMPLO EN PAPA Y POSIBILIDADES

Marfil CF, CONICET-FCA U.N.Cuyo. Argentina.
e-mail: cmarfil@fca.uncu.edu.ar

La conservación *in situ* de las especies silvestres emparentadas con los cultivos tomó relevancia a partir de la creación del Convenio sobre la Diversidad Biológica y requiere la designación y gestión de áreas naturales definidas para manejar y monitorear la diversidad genética de poblaciones silvestres. Una de las metodologías adoptadas para identificar sitios donde establecer estas reservas genéticas, es la superposición de datos de distribución de las especies de interés con las coordenadas geográficas de áreas protegidas. Argentina cuenta con un Sistema Nacional de Áreas Protegidas tanto de jurisdicción nacional como provincial. En gran medida, estas áreas protegidas se han establecido en función de la conservación de hábitats específicos o con fines de recreación o protección histórica. Esto implica que aunque podría haber un manejo general del ecosistema y una conservación pasiva de todas las especies allí distribuidas si el hábitat permanece estable, la diversidad genética dentro de especies particulares podría estar cambiando o erosionándose. Para implementar programas de conservación *in situ* de especies de interés es imprescindible intervenir activamente en las áreas seleccionadas, monitoreando las poblaciones demográfica y genéticamente y caracterizando sus interacciones bióticas y abióticas. La metodología de trabajo será ejemplificada con antecedentes generados utilizando especies silvestres de papa (género *Solanum*, sección *Petota*), emparentadas

con el cuarto cultivo en importancia mundial y parte del patrimonio natural y cultural de América.

ESTRATEGIAS Y HERRAMIENTAS PARA EL MANEJO DE LA VARIACIÓN GENÉTICA EN ANIMALES

Toro MA. Dept. Producción Animal, ETSI Agrónomos, Univ. Politécnica Madrid. España.
e-mail: miguel.toro@upm.es

Hoy en día, la distinción entre programas de conservación y programas de selección tiende a difuminarse ya que en ambos tipos de programas hay que prestar atención tanto al aumento de la consanguinidad como a la mejora o mantenimiento de algunos caracteres de interés. Para el mantenimiento de la diversidad el criterio que debe seguirse es el de maximizar el censo efectivo y existen unos criterios sencillos a tratar de implementar en un programa de conservación: 1) Iniciar el programa con el máximo número de fundadores; 2) Utilizar tantos padres y madres como sea posible; 3) Igualar el número de padres y madres en la medida de lo posible (un cociente sexual 1:1 sería lo óptimo, ya que el sexo menos representado condiciona más el N_e); 4) Evitar los cuellos de botella en el censo; 5) Alargar al máximo los intervalos generacionales (sólo hay deriva cuando se generan descendientes para reemplazar a los progenitores); 6) Reducir al máximo la varianza de los tamaños familiares. Sin embargo durante las últimas décadas se ha desarrollado una solución sofisticada que puede aplicarse tanto a programas de conservación como de selección aunque es costosa computacionalmente: determinar las contribuciones de cada parental a la siguiente generación de manera que se minimice el parentesco promedio global ponderado por dichas contribuciones. Respecto a la elección del sistema de apareamiento un método muy intuitivo y llevado a la práctica en muchos programas es el evitar apareamientos entre individuos que compartan un abuelo, un bisabuelo, etc. Una forma más sistemática de actuar es minimizar el parentesco promedio de las parejas que se deben formar utilizando una función objetivo que minimice la consanguinidad de la siguiente generación. Por último, por razones prácticas, son bastante atractivos los apareamientos circulares.

ORGANIZACIÓN DEL GENOMA EN EL NÚCLEO INTERFÁSICO

Coordinador: Parada LA. Instituto de Patología Experimental. CONICET-UNSA. Salta. Argentina.
e-mail: lparada@unsa.edu.ar

Los cromosomas, unidades estructurales del genoma, son entidades individuales que ocupan volúmenes exclusivos también en interfase denominados territorios cromosómicos (CT). Por otro lado y contrariamente a lo que se pensaba, en células de plantas y animales los cromosomas tienen una distribución no aleatoria en el espacio nuclear que está relacionada con el tamaño y la densidad génica de los cromosomas (2). Este patrón de distribución radial de los cromosomas de acuerdo a la densidad en genes se encuentra muy conservado evolutivamente en primates a pesar de los reordenamientos cromosómicos que tuvieron lugar (9). También se ha demostrado que existe un posicionamiento no al azar de genes y cromosomas respecto de otros, y que este “efecto de proximidad” es un factor que tiene un papel importante en la generación de las translocaciones cromosómicas específicas de tumores (11). Esta organización espacial del genoma está determinada por el estado transcripcional de genes, el comportamiento del gen β -Globina es quizás el más ilustrativo de la relación entre organización espacial y función. Cuando este gen se activa durante eritropoyesis simultáneamente se re-localiza distante de bloques heterocromáticos que lo mantenían inactivo y formando lazos que se extienden inclusive fuera del territorio cromosómico (14).

WHAT CAN CHROMATIN AND CHROMOSOME HIGHER-ORDER STRUCTURES TELL US ABOUT DISEASE

Schoenfelder S, M Furlan-Magaril, B Javierre, B Gerle, R Sugar, F Tavares-Cadete, S Wingett, S Andrews, T Nagano, N Luscombe, C Osborne and P Fraser. Nuclear Dynamics Programme, The Babraham Institute, Cambridge, United Kingdom
e-mail: peter.fraser@babraham.ac.uk

Many genes are regulated by distal enhancer sequences and other regulatory elements that can be located at considerable distances from the genes they regulate. Enhancers elements can be located in one gene while regulating another or, be megabases away from their regulatory

targets often 'jumping over' intervening genes, making their assignment to specific target genes based solely on linear genomic sequence difficult. The extent of gene dependence on long-range control is unclear, and links to disease are just beginning to come to light. Distal regulatory elements function through long-range interaction, often referred to as looping. Distal enhancers are thought to form a complex with their target gene promoters in the three dimensional space of the nucleus, potentially stabilized by specific regulatory factors. Just as the extent of long-range control is unknown, so too is the prevalence of such higher-order folding of sub-chromosomal domains and their contribution to overall chromosome structure, and whether perturbation of these structures contributes to disease through gene misregulation. These issues will be discussed in light of new data from our lab.

THE CELL BIOLOGY OF GENOMES

Misteli T, National Cancer Institute, NIH, Bethesda, MD 20892
e-mail: misteli@mail.nih.gov

In higher organisms, genomes are housed and function in the cell nucleus. While we have learnt a great deal about the sequence of genomes in recent years, insights into how genomes function in the context of the architectural framework of the cell nucleus in a living cell are only now emerging. Importantly, aberrations in nuclear architecture are now known to lead to various diseases ranging from cancer to pre-mature aging. An in depth elucidation of the cell biological properties of the genome will be essential to a full understanding of how genomes function. We have recently developed an experimental system to visualize and study the formation of chromosomal translocations in living cells. Using this system we have elucidated the process of translocation formation in the intact cell nucleus and have generated a spatio-temporal framework to study the genesis of cancerous translocations.

CHROMATIN AND TRANSCRIPTION REGULATE ALTERNATIVE SPLICING

Kornblihtt AR, FCEN, DFBMC, Universidad de Buenos Aires IFIBYNE-CONICET, Buenos Aires, Argentina.
e-mail: ark@fbmc.fcen.uba.ar

Regulation of alternative splicing through its coupling with transcription elongation can occur via changes in the

RNA polymerase II (pol II) molecule itself or in chromatin structure. The first mode is illustrated by the effects of UV light on AS. The UV effect is not pleiotropic, is p53-independent, does not imply damage of the DNA template in cis, and is caused by inhibition of pol II elongation due to hyperphosphorylation of its carboxy terminal domain. The second mode is illustrated by epigenetic modifications caused by neuron depolarization and differentiation, and by the nuclear effects of small interfering RNAs (siRNAs). Membrane depolarization of neuronal cells promotes skipping of exon 18 of the neural cell adhesion molecule (NCAM) by increasing transcription elongation through chromatin opening via intragenic H3K9 hyperacetylation. Conversely, differentiation of neural precursors into neurite-containing cells is associated to methylation of H3K9 and H3K27 at the same NCAM intragenic region, consistent with lower pol II elongation and higher exon 18 inclusion. Epigenetic modifications affecting alternative splicing can also be caused by small interfering RNAs (siRNAs). When targeting promoter regions, siRNAs trigger transcriptional gene silencing (TGS), by promoting heterochromatin formation. We showed that siRNAs targeting intronic or exonic sequences close to an alternative exon regulate its splicing. The effect is dependent on the presence of the Argonaute-1 protein (AGO1). The siRNAs promote the writing of silencing histone marks (H3K9me2 and H3K27me3) at the target site that create roadblocks to pol II elongation and affect alternative splicing decisions.

DAÑO GENÓMICO INDUCIDO POR XENOBIÓTICOS QUÍMICOS

Coordinador: Bolzán AD. Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), C.C. 403, 1900 La Plata, Argentina.
e-mail: abolzan@imbice.gov.ar; abolzan@imbice.org.ar

Los xenobióticos son compuestos presentes en el medio ambiente exógenos a la composición y extraños al metabolismo natural de los seres vivos. Entre los xenobióticos se incluyen diversos contaminantes ambientales y sustancias tóxicas capaces de alterar el normal funcionamiento de las células y los organismos. Los estudios de daño genómico inducido por xenobióticos químicos son muy importantes para determinar los efectos de los mismos sobre la salud humana. Muchos xenobióticos, tales

como los fármacos utilizados en el tratamiento del cáncer o las sustancias carcinogénicas, tienen gran importancia médica. Sin embargo, son pocos los grupos de investigación de nuestro país dedicados a analizar los efectos de los xenobióticos químicos sobre el genoma. El objetivo principal de este simposio es presentar los hallazgos principales de algunos de los grupos de investigación más relevantes de nuestro país dedicados a analizar el daño que producen ciertos xenobióticos químicos sobre el genoma de células eucariotas, tanto a nivel cromosómico como molecular. Las ponencias de este simposio estarán enfocadas en particular a los efectos de agentes aneugénicos (especialmente fungicidas de uso agronómico), drogas antitumorales de diverso tipo (venenos de la topoisomerasa II, agentes intercalantes o alquilantes) y productos fitoterapéuticos (compuestos químicos presentes en plantas medicinales) sobre el genoma de distintos tipos de células eucariotas, utilizando diferentes modelos *in vitro* e *in vivo*.

EFFECTO DE ANTIBIÓTICOS ANTITUMORALES SOBRE TELÓMEROS Y SECUENCIAS TELOMÉRICAS INTERSTICIALES

Bolzán AD

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), C.C. 403, 1900 La Plata, Argentina.
E-mail: abolzan@imbice.gov.ar / abolzan@imbice.org.ar

Los telómeros son complejos nucleoproteicos localizados en los extremos de los cromosomas eucarióticos que están involucrados en la preservación de la integridad de los mismos, protegiéndolos de la degradación por nucleasas y de la recombinación y fusión con otros cromosomas. En los cromosomas de vertebrados, las secuencias teloméricas, formadas por repetidos (TTAGGG)_n, pueden localizarse en los extremos (secuencias terminales) o en el centrómero o la región comprendida entre el telómero y el centrómero (secuencias intersticiales). Dado que los telómeros juegan un rol importante en el mantenimiento de la estabilidad genómica y que la disfunción telomérica está asociada al proceso de carcinogénesis, el estudio de los efectos de las drogas antitumorales sobre los mismos resulta de gran interés. En el Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis del IMBICE se inició hace más de una década una línea de investigación tendiente a analizar los efectos *in vitro* de los antibióticos antitumorales sobre los telómeros y secuencias teloméricas intersticiales (STI) de los cromosomas de vertebrados. Los estudios realiza-

dos comprenden el análisis del daño cromosómico a nivel telomérico y de STI y su relación con la longitud telomérica o tamaño de las STI y la actividad telomérica en células de mamíferos expuestas a 3 antibióticos antitumorales, la bleomicina, la estreptonigrina y la estreptozotocina. La presente exposición estará enfocada en los hallazgos y conclusiones principales que se han obtenido hasta el momento a partir de dichos estudios.

ALTERACIÓN DE LA DINÁMICA MICROTUBULAR INDUCIDA POR AGENTES QUÍMICOS

Andrioli N. Grupo de Investigación en Biología Evolutiva. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Argentina
e-mail: nandrioli@hotmail.com

El mantenimiento de la fidelidad en la segregación de los cromosomas depende de dos puntos de control del ciclo celular, el control del huso y el G1 post-mitótico. Cuando el huso mitótico no se forma adecuadamente las células quedan detenidas en metafase, proporcionando tiempo para la corrección de errores, lo que impide la transición de metafase a anafase. Sin embargo, luego de un tratamiento prolongado con inhibidores del huso mitótico las células pueden escapar del arresto mitótico dando lugar a células aneuploides o poliploides. Las mutaciones numéricas contribuyen con enfermedades genéticas y desarrollo de tumores. Las sustancias químicas que afectan los procesos de segregación cromosómica conducen a la producción de aneuploidías y / o poliploidías, y podrían desencadenar apoptosis contribuyendo a la eliminación de las células con lesiones premutagénicas o mutaciones. Entre los productos químicos que inducen la poliploidía y aneuploidía se encuentran los que alteran la dinámica de polimerización de los microtúbulos interfiriendo con la formación del huso. Entre ellos, se pueden mencionar muchos fungicidas de aplicación agronómica como los bencimidazoles, ditiocarbamatos, carboximidazoles y triazoles, entre otros. La exposición a bajas concentraciones de estos compuestos puede ocurrir por la dieta, del medio ambiente y exposición ocupacional y es motivo de gran preocupación saber si sus efectos dependen de la concentración, el tiempo de exposición y como estos factores influyen en el destino celular llevando a su muerte o a su supervivencia con mutaciones numéricas.

DAÑO AL ADN INDUCIDO POR VENENOS DE TOPOISOMERASA II: REPARACIÓN POR REUNIÓN DE EXTREMOS NO-HOMÓLOGOS

González Cid MB. Laboratorio de Mutagénesis. Instituto de Medicina Experimental-CONICET. Academia Nacional de Medicina. Ciudad Autónoma de Buenos Aires.
e-mail: margoncid@hematologia.anm.edu.ar

El veneno de Topoisomerasa II (TopoII) etopósido (ETO), utilizado en el tratamiento antitumoral, estabiliza los complejos ADN-TopoII conduciendo a rupturas de doble cadena (RDC) persistentes en el genoma. La reunión incorrecta de las RDC origina rearrreglos cromosómicos característicos de neoplasias secundarias debidas al tratamiento con estas drogas. En mamíferos, la mayoría de las RDC es reparada por la vía reunión de extremos no-homólogos (NHEJ). Existen dos modos de NHEJ con cinéticas diferentes: una rápida, dependiente (D-NHEJ) y otra lenta, independiente (*backup*, B-NHEJ) de la proteína quinasa DNA-PKcs. Con el fin de evaluar sus roles en mantener la integridad cromosómica e impedir la progresión de células dañadas, se utilizaron líneas celulares humana HeLa y de hámster chino (CHO9 y XR-C1) tratadas con ETO en la fase G2. La inhibición química (NU7026) o la deficiencia génica en XR-C1 de DNA-PKcs en combinación con ETO provocaron un aumento de figuras de intercambio cromatídico (daño mitótico) en relación a las células tratadas solo con ETO. En este contexto deficiente en DNA-PKcs, la inducción de células micronucleadas en la interfase G1 posmitótica siguiente al tratamiento con ETO disminuyó con respecto a las células micronucleadas expuestas a ETO. Este descenso se debió a una acumulación de células en G2/M y a una incrementada muerte celular. Los resultados indican que D-NHEJ reduce la incorrecta reunión de extremos cromosómicos contribuyendo a preservar la integridad genómica frente a ETO y favorece la progresión de células con daño a la siguiente división celular.

HACIA UNA FITOTERAPIA BASADA EN EVIDENCIAS CIENTÍFICAS

López Nigro, M. M.; E Portmann y MA Carballo
CIGETOX-INFIBIOC. Dpto. Bioquímica Clínica, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires. Junín 956 Ciudad Autónoma de Buenos Aires (1113), Argentina.
e-mail: mlopeznigro@ffyb.uba.ar

Los principios activos presentes en extractos de Plan-

tas Medicinales Argentinas de uso común pueden ser altamente beneficiosos o producir efectos adversos para la salud, por lo que es de suma importancia la evaluación del riesgo-beneficio de su consumo. Se realizó un screening de genotoxicidad de 25 extractos acuosos de plantas medicinales empleando el Ensayo Cometa en linfocitos de sangre periférica. Se observó que 5 de las 25 plantas evaluadas indujeron un incremento estadísticamente significativo del largo de los cometas analizados ($p < 0.001$). Dos de las especies evaluadas mostraron un interés particular por los resultados obtenidos y por sus usos en etnomedicina: *Aloysia gratissima* var. *Schulziana* (AG) y *Chenopodium ambrosioides* L. (*ChA*). Se evaluó el posible efecto protector *in vivo* de los extractos de AG frente al daño inducido al ADN empleando el test del micronúcleo y el ensayo cometa. Los resultados demostraron una importante capacidad protectora. Asimismo, se evaluó el potencial genotóxico *in vitro* de los extractos de *ChA* mediante biomarcadores de efecto tales como Índice mitótico, Índice de Replicación, Aberraciones cromosómicas e Intercambio de Cromátides Hermanas. Los resultados muestran un efecto citotóxico, clastogénico e incremento en la inestabilidad cromosómica en las condiciones de ensayo. De lo expuesto se concluye que, en el amplio espectro que ofrecen las plantas medicinales pueden encontrarse aquellas que son beneficiosas para la salud, mientras que otras pueden ser extremadamente nocivas, y por lo tanto deben ser objeto de exhaustivas investigaciones.

PROPIEDAD INTELECTUAL Y TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA

Coordinador: Cerioni AL, Coordinador Nacional de Vinculación Tecnológica del INTA
e-mail: cerioni.adolfo@inta.gov.ar

Dado el perfil de los profesionales que participarán del congreso, se considera importante el abordaje de conceptos de propiedad intelectual y aspectos relacionados a los procesos de transferencia de tecnología. En particular se presentarán las políticas de Transferencia Tecnológica y Propiedad Intelectual de tres prestigiosas instituciones tecnológicas, con una cartera de proyectos y emprendimientos relacionados a la genética aplicada y biotecnología, sus procedimientos y a través de la experiencia institucional, los principales aprendizajes. Se iniciará con una presentación inicial a cargo del Coordinador y posterior pre-

sentaciones de las políticas de Transferencia Tecnológica y Propiedad Intelectual del CONICET, INIS Biotech e INTA, a través de un participante de cada una de ellas. En una segunda etapa se promoverá el intercambio de ideas y preguntas entre el público y los disertantes del simposio. En esta instancia el coordinador será el animador, efectuará las preguntas y se desarrollará en ambiente informal en escenografía living con sofá y sillones, como una reunión de amigos.

VINCULACIÓN TECNOLÓGICA DEL CONICET

Villa SM. Dirección de Vinculación Tecnológica, CONICET. Av. Rivadavia 2358 4to piso. CABA.
e-mail: svilla@conicet.gov.ar

El CONICET es el principal organismo dedicado a la promoción de la ciencia y la tecnología en Argentina. Cuenta con 7.400 investigadores, 9.500 becarios, 2.330 técnicos y 1.000 agentes administrativos en todo el país. Su actividad se desarrolla en cuatro grandes áreas: Ciencias Agrarias, Ingeniería y de Materiales, Ciencias Biológicas y Naturales, Ciencias Exactas y Naturales, Ciencias Sociales y Humanidades. Vinculación Tecnológica: CONICET despliega una política de apertura y vinculación a la sociedad, poniendo a disposición de los sectores socio-económicos su experiencia en investigación y desarrollo. Para brindar este apoyo, la Dirección de Vinculación Tecnológica (DVT) actúa como unidad de enlace entre las demandas de los distintos sectores de la sociedad y la oferta de equipos de investigadores, profesionales y centros de investigación capaces de responder a esos requerimientos. Las actividades de transferencia de tecnología las desarrollamos mediante la aplicación de herramientas institucionales que presentamos a continuación: Promoción y gestión de la red institucional. El objetivo de la vinculación es dar respuesta a las necesidades tecnológicas de las empresas y entidades públicas o privadas, promoviendo activamente la difusión y la transferencia –a nivel nacional e internacional– de las investigaciones y conocimientos desarrollados por el CONICET. Así. La DVT se presenta en eventos, exposiciones y encuentros de los distintos ámbitos y participa de la organización de encuentros regionales para incentivar el conocimiento y el intercambio con el medio. Gestión de Propiedad Intelectual. Determinados resultados de las investigaciones desarrolladas en CONICET pueden ser susceptibles de protección mediante al-

guno de los regímenes de Propiedad Industrial y/o Intelectual, entre ellos el régimen de patentes. Por eso, el área de Propiedad Intelectual de la DVT se encarga entre de atender consultas de investigadores, evaluar patentabilidad de resultados, redactar y presentar solicitudes de patente, coordinar y gestionar patentes internacionales, etc. Convenios y Desarrollos Tecnológicos. Los convenios le aportan un marco legal a la transferencia de conocimientos y/o tecnología entre CONICET y empresas u organismos. La DVT realiza la negociación y trámites de los distintos convenios, garantizando la protección de la propiedad intelectual generada. Servicios. La DVT ofrece distintos servicios: Servicios Tecnológicos de Alto Nivel (STAN) y Asesorías, Becas de posgrado y posdoctorales cofinanciadas, Investigadores con lugar de trabajo en empresas.

PROPIEDAD INTELECTUAL Y TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA EN INIS BIOTECH – FUNDACIÓN INSTITUTO LOLOIR

Sanguinetti S. Inis Biotech S.A.
e-mail: ssanguinetti@inis-biotech.com.ar

Desde su creación, INIS ha sido el representante exclusivo para la comercialización de las invenciones, descubrimientos y desarrollos logrados en la Fundación Instituto Loloir (FIL). En sus casi siete años de existencia ha alcanzado metas importantes y un reconocimiento que lo ha llevado a ser un referente Nacional en el área de la vinculación y transferencia de tecnología. Piezas angulares en el accionar de INIS han sido la habilitación por parte del FONTAR como Unidad de Vinculación Tecnológica y el acuerdo marco de vinculación tecnológica firmado entre FIL, INIS y el CONICET. El modelo de transferencia tecnológica de INIS se basa, no solo en el licenciamiento de tecnologías, sino que otorga una gran importancia a la generación de nuevas Empresas de Base Biotecnológica. En línea con este objetivo, en el año 2009 se abrió un espacio incubadora destinado a alojar dichas empresas, el CeDeBio, que actualmente alberga 1 proyecto de empresa (Genocan, financiado por el *National Cancer Institute*), 3 empresas biotecnológicas (Inmunova, Phylumtech y Chemcage) y dos plataformas tecnológicas PPL (Genómica y Células Madre). INIS conformó un consorcio con el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria – INTA que fue habilitado por el FONARSEC, como Facilitadores de Flujo de Proyectos, en el marco de la convocatoria

EMPRETECNO PAEBT. Por último y para completar este modelo de transferencia de tecnología se está trabajando en la creación del primer Fondo de Inversión (Seed Capital), para empresas de Innovación Biotecnológica, patrocinado desde INIS.

APUNTES SOBRE LA RELACIÓN ENTRE EL MEJORAMIENTO GENÉTICO Y LOS DESAFÍOS DE LA PROPIEDAD INTELECTUAL

Linzer GA. Gerente de Propiedad Intelectual. Coordinación Nacional de Vinculación Tecnológica. INTA.
e-mail: linzer.german@inta.gov.ar

Por naturaleza, las tecnologías en bienes biológicos son fácilmente reproducibles por productores diferentes al inventor original. De esta manera, el desarrollo de las industrias basadas en el mejoramiento genético estuvo desde sus comienzos íntimamente ligado a la capacidad de generar o valerse de mecanismos de “captura de valor”. Esta posibilidad se dio visiblemente a partir del surgimiento de legislaciones *ad hoc* para proteger la propiedad intelectual en esta área. No obstante, varias de las formas más determinantes de captura de valor se dieron a través del desarrollo de técnicas genéticas que permiten conservar el “secreto industrial”. Con el surgimiento del paradigma biotecnológico el sistema de propiedad intelectual, particularmente en lo referido a las patentes de invención, fue desafiado porque no estaba especialmente preparado para la protección de la “materia viva”. Sin embargo, el intento de adecuación de la legislación en patentes a las nuevas tecnologías se vio distorsionado por la necesidad práctica de los países que buscaban tomar el liderazgo en el desarrollo biotecnológico. Estos países impulsaron la adecuación de los sistemas de propiedad intelectual a sus propias necesidades expansivas de desarrollo. Por esta razón, el sistema de patentes biotecnológicas extendió el objeto y alcance del derecho a puntos cuestionables por razones éticas, de desigualdad tecnológica y por las distintas necesidades para emprender proyectos de desarrollo económico. Estos son los puntos básicos de disputa entre los países y los desafíos pendientes para la Argentina.

AVANCES EN LA BIOLOGÍA MOLECULAR DE LA TIROIDES, FISIOPATOLOGÍA Y TUMORES TIROIDEOS.

Coordinadora: Martínez Taibo C. Programa de Genética Médica, Hospital “Dr. Arturo Oñativia”, Provincia de Salta.
e-mail: cmartineztaibo@yahoo.com.ar

El hipotiroidismo congénito es una de las enfermedades hereditarias más frecuentes (1/1500). La disgenesia tiroidea (agenesia, ectopia, hipoplasia) es una causa, la dishormonogénesis alcanza el 65%. Los programas de screening neonatal, el diagnóstico temprano y el tratamiento apropiado permiten el desarrollo normal de la mayoría de los pacientes. La aparición de síntomas neurológicos puede estar relacionada a una condición genética subyacente, debida a alteraciones en genes involucrados en el desarrollo tiroideo. El cáncer tiroideo es el tipo más común de malignidad endócrina y su incidencia continuamente incrementa. El carcinoma papilar (80%) y el folicular son los más frecuentes. El uso de marcadores moleculares tiene un alto significado clínico para el diagnóstico del cáncer en nódulos tiroideos: indican el pronóstico, manejo quirúrgico y posquirúrgico. Las alteraciones moleculares incluyen las mutaciones BRAF, RAS, RET/PTC y PAX8/PPARc. El carcinoma medular (5-13%) es poco frecuente, pero no excepcional. La mayoría son esporádicos. El 25% tiene una base genética, en forma de familiar (5%) o como neoplasia endocrina múltiple, por una mutación germinal en el protooncogen RET. Detectando la mutación familiar se identifica a los portadores asintomáticos y se accede a la tiroidectomía preventiva. El Hospital “Dr. Arturo Oñativia” de la provincia de Salta, ex Instituto del Bocio, es centro de referencia de la especialidad con trascendencia regional y nacional. Este año inaugurará el laboratorio de biología molecular donde se investigarán los distintos carcinomas tiroideos.

DISGENESIAS TIROIDEAS HUMANAS

Moya CM. Instituto de Genética Médica y Molecular (INGEMM).
Hospital Universitario La Paz. Madrid, España
e-mail: cmmoya@yahoo.com

El Hipotiroidismo Congénito (HC) es la enfermedad endocrina congénita más frecuente, afecta a 1 de 3000 recién nacidos. La etiología del 80% de los casos de HC corresponde a defectos en el desarrollo embrionario de la glándula Tiroidea, colectivamente denominados Disgenesias Tiroideas (DT), entre las que se han descrito agenesias, ectopias, hemiagenesia e hipoplasias. Los mecanismos moleculares subyacentes de las DT humanas siguen siendo ampliamente desconocidos. Menos del 5% de los casos estudiados están relacionados causalmente a defectos genéticos específicos en alguno de estos cuatro factores de transcripción: NKX2-1, FOXE1, PAX8 y NKX2-5, y en el gen que codifica el receptor de TSH (TSHR). Aunque se observan grandes diferencias fenotípicas inter e intrafamiliares en los casos diagnosticados. Sin embargo, la mayoría de los casos de DT son esporádicos y no siguen una herencia mendeliana. Por lo tanto, deben tenerse en cuenta otros mecanismos para explicar el gran número de DT, como mutaciones somáticas tempranas, modificaciones epigenéticas, la participación de nuevos genes, un origen poligénico/multifactorial para este trastorno o incluso el control de la expresión de los ARNm tiroideos durante el desarrollo por miRNAs. Presentaré dos casos interesantes analizados en nuestro laboratorio en los que identificamos mutaciones en NKX2-1 y estudiamos funcionalmente estos defectos, demostrando la importancia de la interacción entre proteínas en la modificación fenotípica. Las DT representan uno de los grandes enigmas que aún quedan en la fisiopatología de enfermedades del Tiroidea.

CARCINOMA MEDULAR DE TIROIDES Y DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE LA NEOPLASIA ENDOCRINA MÚLTIPLE TIPO 2

Sanso G. Centro de Investigaciones Endocrinológicas (CEDIE) "Dr César Bergadá". Hospital de Niños "R Gutiérrez".
e-mail: gsanso@cedie.org.ar

El CMT en su forma familiar es el resultado de una mutación activante del proto-oncogén RET y es parte de la Neoplasia Endocrina Múltiple tipo 2 (NEM 2). NEM 2 es un síndrome hereditario cuya prevalencia estimada en la población general es de 2.5 /100000. Se caracteriza por

el desarrollo de tumores que involucran las células C de la glándula tiroidea, la médula adrenal y las glándulas paratiroides. La manifestación característica y que marca el pronóstico de la enfermedad es el CMT. El NEM2 es causado por mutaciones en la línea germinal del proto-oncogén RET. La identificación de mutaciones del proto-oncogén RET causantes de NEM 2 permite contar con una herramienta diagnóstica para la identificación temprana de familiares portadores. El proto-oncogén RET es un gen que codifica para un receptor tirosina-quinasa que regula el crecimiento y la proliferación celular. Se expresa en el CMT y feocromocitoma y en tejido tiroideo y adrenal normales. Se han identificado mutaciones en la secuencia que codifica para el proto-oncogén RET, asociadas con NEM 2A, NEM 2B, y CMTE. En más de un 95 % de los pacientes con NEM 2A se encuentran mutaciones en el exón 10 y 11. En más de un 95% de los pacientes con MEN 2B se encuentra una mutación en el codón 918 del exón 16. En el CMTE, las mutaciones más comúnmente encontradas se localizan en exones 10, 11, 13, 14 y 15. La tiroidectomía profiláctica a edades tempranas es mandatoria para los portadores detectados, ya que realizada antes del desarrollo o diseminación del CMT es el único tratamiento curativo.

GENÉTICA APLICADA AL MANEJO DE ENFERMEDADES DE CULTIVOS

Coordinadora: Perera MF. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombes (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Avenida William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina. CP: T4101XAC.
e-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar;
franciscaperera@eeaoc.org.ar

Uno de los mayores desafíos de las ciencias agronómicas en la actualidad es desarrollar metodologías de manejo de enfermedades que sean más sostenibles, es decir, que permitan producir más por unidad de superficie con menos insumos, con menos energía y que esta provenga de fuentes renovables, que en lo posible no generen resistencia en los organismos nocivos para la agroindustria, y que sean de baja o nula toxicidad para la salud humana y ambiental. En este sentido, en el presente simposio se exploran los aportes de la genética tanto en el conocimiento de cómo se producen las enfermedades más importantes de los principales cultivos regionales, como en el desarrollo de estrategias tecnológicas para interferir en el proceso patogénico y de ese modo, implementar estrategias para con-

trolar de manera más sostenible la sanidad de los mismos.

GENETIC APPROACHES TO THE CHALLENGE OF HUANGLONGBING (HLB) IN CITRUS

Gmitter Jr. FG. University of Florida. Citrus Research and Education Center Lake Alfred, FL 33809 USA
e-mail: fgmitter@ufl.edu

Citrus is the most widely grown and economically significant fruit crop globally, but many of the world's citrus growing regions are currently under threat by Huanglongbing (HLB, also called citrus greening). HLB is presumably caused by a phloem-limited bacterium (*Candidatus Liberibacter asiaticus*) that is vectored by an insect, Asian citrus psyllid (ACP, *Diaphorina citri*). Disease symptoms include blotchy mottle of leaves, shoot dieback, misshapen fruit with altered quality attributes, and ultimately tree decline and mortality. There are varying levels of sensitivity among citrus species, but it is questionable whether there is genetic resistance to the disease. Various approaches are being taken by genetic improvement programs to produce new citrus scion and rootstock cultivars that can be used to overcome the devastation that is becoming manifest in production regions where HLB is rapidly spreading. These approaches include the search for sources of tolerance or resistance within the citrus germplasm pool, searches for spontaneous mutations for resistance/tolerance, fundamental studies to understand the nature of the host-pathogen interactions and thus identify potential genetic intervention points, transgenic modifications, and possible rootstock effects on scion sensitivity and performance. Examples of each of these approaches will be discussed and the progress being made will be presented, as will perspectives on future opportunities for longer term genetic solutions to this most serious threat to the future of the world's citrus industries.

FUNGAL PROTEASE INDUCES A DEFENSE RESPONSE IN PLANTS

Chalfoun NR, AP Castagnaro and JC Díaz Ricci. Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO; CONICET- UNT) y Instituto de Química Biológica "Dr. Bernabé Bloj", Universidad Nacional de Tucumán, Chacabuco 461, T4000LJ - San Miguel de Tucumán, Argentina.
e-mail: juan@fbqf.unt.edu.ar

Phytopathogenic fungi can secrete hydrolytic enzymes to degrade and traverse the outer structural barriers of plant

tissues. Among them subtilisin-like proteinases are considered important virulence factors in the infection process. We have isolated and purified a protein called AsES, secreted by the fungus *Acremonium strictum* that induces a strong defensive response against the pathogen *Colletotrichum*, the etiological agent of the anthracnose disease in strawberry. BLAST analysis yielded significant similarity with serine proteases of the subfamily of proteinase K-like subtilisins (S8A) and 65% of identical amino acids sequences with a proteinase T-like subtilisin from the saprophyte *Trichoderma reesei*. The protein AsES also showed similarity with the other serine proteases identified in *Acremonium* spp., but none of them exhibits biological activity in plants or in other organisms. AsES exhibited proteolytic activity *in vitro* and its resistance-eliciting activity was eliminated when inhibited with PMSE, suggesting that its proteolytic activity is required to induce the defense response. To our knowledge, this is the first report of a fungal subtilisin that shows defense-eliciting activity in plants. Since the elicitor activity was only found in AsES from SS71 *A. strictum* and was not found in a homologous subtilisin as proteinase K, we conclude that the proteolytic activity is necessary but not sufficient to induce defense and suggest that AsES might induce defense by means of proteolysis of one or multiple host proteins that are specific targets of this protease.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA MOLECULAR DE LA FORMACIÓN DE BIOFILM Y PATOGENICIDAD EN *Xanthomonas citri* subsp. *citri*.

Conforte VP¹, F Malamud¹, P Yaryura¹, R Roeschlin², MP Filippone³, AP Castagnaro², MR Marano³ y AA Vojnov¹ ¹Instituto de Ciencia y Tecnología Dr. Cesar Milstein, Buenos Aires, Argentina. ²IBR- Depto. Microbiología. Facultad de Ciencias. Bioquímicas y Farmacéuticas. U.N.R. Rosario, Argentina. ³Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombes. Las Talitas, Tucumán, Argentina.
e-mail: atilio@eeaac.org.ar

Xanthomonas axonopodis pv. *citri* (*Xcc*), el agente causal de la cancrrosis de los cítricos. En *Xanthomonas* hemos observado que la producción de xantano, glucano cíclico, entre otros factores de virulencia, y la formación de comunidades de bacterias denominadas biofilms influyen decisivamente en la capacidad infectiva de esta bacteria. Diversos factores de virulencia, en *Xanthomonas*, están regulados por la producción y percepción de pequeñas moléculas señales denominadas DSF (*diffusible small factors*), fenóme-

no denominado *quórum sensing* y que les permite sentir a las bacterias su densidad celular. El grupo de genes *rpf* (regulation of pathogenicity factors), específicamente *rpfB* y *rpfF*, son los responsables de la síntesis de los DSF. Con el objetivo de estudiar cuales son los roles de los distintos factores de virulencia y su importancia en la formación de biofilm, se generaron mutantes dirigidas a los genes *rpf*, *gum* (genes responsables de la producción de xantano) y dos genes relacionados a la estructura del flagelo, *flhA* y *flhB*. Por otra parte, se generó una colección de mutantes al azar utilizando el sistema comercial EZ::Tn5<KAN-2>Tnp Transposome (Epicentre) permitiendo aislar una diversidad de nuevas mutantes de las cuales dos, mutadas en los genes *hrpM* y *ntnC*, fueron exhaustivamente caracterizadas. Todas estas cepas mutadas permitieron estudiar la importancia de estos factores en el desarrollo del biofilm y su importancia en la patogenicidad de *Xcc*.

RESISTANCE TO SUGARCANE BROWN RUST

Comstock J.C. USDA-ARS Sugarcane Field Station, 12990 US Highway 441, Canal Point, Florida 33438, USA
e-mail: Jack.comstock@ars.usda.gov

Ever since brown rust of sugarcane, caused by *Puccinia melanocephala*, was introduced into the Western Hemisphere in 1978, there has been a need for resistant varieties. Immediately after its introduction, severe yield losses occurred on B4362, a major commercial variety in several Caribbean countries at that time. Susceptible genotypes are easily identified when they are exposed to rust under conditions that are conducive for rust development. To confirm the resistance of clones, various inoculation procedures have been used. Two successful procedures are the spraying of plants with spore suspensions followed by incubation in dew chambers overnight where leaf wetness is maintained and whorl inoculation. The leaf whorl procedure allows evaluation even in periods of less dew

on leaves. In Florida, development of durable resistance to brown rust has been difficult. Many varieties that were identified as resistant at the time of their release have succumbed to brown rust a few years later. This repeated occurrence indicates that *Puccinia melanocephala* forms pathogenic races. In Florida, pathogenic races of brown rust have been identified using a set of six clones and five brown rust isolates. Later in 1996, the French identified a major brown rust resistance gene, *Bru1*, that conferred resistance to plants challenged with brown rust isolated from around the world, including Florida. The race results and the major resistance gene first appeared to be conflicting. Only after the differential set of Florida clones were shown to lack the *Bru1* gene did the two sets of data make sense. The presence of the *Bru1* gene varies in breeding populations. The frequency was low in Florida but was increasing with selection pressure for brown rust resistance even before the ability existed to identify the gene with molecular techniques. The frequency of *Bru1* is low in Argentina and is responsible only for a small portion of clones resistant to brown rust. The CP program in Florida has determined the presence of the *Bru1* gene in the parental clones used for crossing and in Stage 2 where there are 1,500 genotypes. The Stage 2 clones are also evaluated for their rust reactions based on natural infection. Thus, correlations between brown rust resistance and the *Bru1* gene can be made and resistant clones without the *Bru1* gene are identified. Populations from crosses of parents without *Bru1* have been made with progeny segregating for brown rust resistance; these populations hopefully will allow identification of non-*Bru1* resistance genes. The knowledge of brown rust resistance is at a point where significant progress can occur. The US sugarcane industries in Florida and Louisiana are similar to that of Argentina where brown rust can cause the loss of susceptible varieties and all sources of resistance are needed.

ACERVO GENÉTICO ARGENTINO

Coordinadora: Alfaro, EL. UNJu – CONICET. Argentina.
e-mail: ealfaro@inbial.unju.edu.ar

El simposio propone describir a las poblaciones argentinas desde la información que aportan los métodos de la antropología biológica. El origen multiétnico de Argentina ha sido detallado desde distintas fuentes documentales. Sin embargo, una mirada exhaustiva desde los apellidos, el ADN uniparental y biparental, en muestras actuales, nativas y urbanas, nos revelan un escenario rico en matices, que pueden correlacionarse en muchas oportunidades con hechos históricos. Se abordarán temas que intentarán reconocer la estratificación de los linajes maternos en el Sur del país. Aislados geográficos resueltos por los apellidos podrán ser contrastados con marcadores paternos moleculares. Se describirán las poblaciones del Nordeste con microsatélites autosómicos. La rica diversidad étnica de las poblaciones argentinas se denota través de los estudios encuadrados dentro de la Antropología Biológica.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN EL CROMOSOMA X DE LAS POBLACIONES NATIVAS DEL GRAN CHACO

Catanesi CI. IMBICE (CONICET-CIC PBA), CC 403 (1900) La Plata
e-mail: ccatanesi@imbice.org.ar

El conocimiento de la diversidad genética de los pueblos nativos chaqueños y su relación con la población criolla se han enfocado con éxito desde los compartimientos

genómicos uniparentales. Sin embargo, la variación genética del cromosoma X también puede ofrecer un panorama interesante de la estructura genética de estas comunidades por su modo particular de herencia, su menor tasa de recombinación y la mayor presión de selección a que está sometido en comparación con los autosomas. Se estudiaron XSTRs e InDels de diversas comunidades amerindias de la parte argentina del Gran Chaco, incluyendo Chorote de Salta, Wichí de Salta y Chaco y Mocoví de Santa Fe. Se halló una elevada proporción de homocigosis, particularmente en la comunidad Wichí del Impenetrable chaqueño, con desajustes en el equilibrio de Hardy-Weinberg. Consecuentemente la diversidad alélica y genotípica han disminuido, siendo esto también notable en la comunidad Mocoví, en relación con la variación de cromosoma Y en el mismo grupo de individuos. Por otro lado, la distribución geográfica de los grupos fue en algunos casos concordante con la diversidad hallada, como fue para el caso de las comunidades salteñas Wichí y Chorote. Dado que la velocidad de cambio estimada para algunos de los marcadores estudiados es similar a la hallada en marcadores autosómicos, las características observadas en estas poblaciones deben tener un origen en la deriva genética generada por el aislamiento geográfico y cultural, además de cierto aporte de flujo genético desde comunidades criollas, en algunos casos puntuales. Estos dos últimos, y particularmente la deriva genética, son probablemente los principales procesos poblacionales que han afectado la variación del cromosoma X en estos grupos.

TRAS LAS HUELLAS DE LOS CASABINDO. LINAJES AUTÓCTONOS Y ANTROPONIMIA PREHISPÁNICA

Alfaro EL¹; ME Albeck¹, LS Jurado Medina²; J Beltramo²; JE Dipierri³; CM Bravi^{2,4}; G Bailliet². ¹UNJu – CONICET ²IMBICE CCT-CONICET La Plata, CICPBA ³INBIAL – UNJu⁴FCNyM - UNLP
e-mail: ealfaro@inbial.unju.edu.ar

Los casabindos fueron un importante pueblo prehispánico que habitaba el sector central de la Puna de Jujuy y que perduró como comunidad originaria hasta después de las Guerras de la Independencia. A partir de una serie secuencial de registros de población, se realizó el seguimiento de este grupo y sus descendientes a lo largo de un período de más de 400 años para analizar las características del sistema nominativo y la estructura poblacional. Los resultados obtenidos permiten conocer una serie de antropónimos, usados en Casabindo desde épocas prehispánicas, que sufrieron un proceso selectivo donde algunos de los nombres nativos masculinos se transformaron en apellidos y lograron perdurar hasta el presente. Se ha logrado determinar la continuidad de un grupo de 25 antropónimos en el área original (primero nombres indígenas, luego apellidos) y su dispersión hacia zonas aledañas a la puna, al resto del Noroeste y otras regiones argentinas. A partir de varones que hoy en día tienen alguno de estos apellidos, se busca identificar patrones genéticos característicos compartidos, presentes en el cromosoma Y, y que permitan relacionarlos con los pobladores prehispánicos y coloniales de la Puna de Jujuy. Para ello se analizaron los haplotipos de 22 individuos portadores de un “apellido casabindo” de los cuales 17 mostraron linajes americanos (77%). Cuando estos linajes se analizaron con 17 microsatélites se evidenció una clara distinción de la mayoría de ellos en un grupo monofilético. Estos linajes tienen la mayor frecuencia en la provincia de Jujuy y se propone su origen regional.

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN REGIONAL EN EL PROCESO DE MESTIZAJE DE LA ARGENTINA

Parolin ML¹⁻³, SA Avena²⁻³, F Di Fabio Rocca²⁻³, MB Postillone²⁻³, CB Dejean² y FR Carnese². ¹Unidad de Diversidad, Sistemática y Evolución, Laboratorio de Biología Molecular, Centro Nacional Patagónico-CONICET. ²Sección Antropología Biológica, ICA, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires. CEBBAD, Fundación Azara, Universidad Maimónides. ³CONICET.
e-mail: parolin@cenpat.edu.ar

En este trabajo se presentan los resultados obtenidos al

momento por nuestro equipo de investigación, que desde 1996 estudia la composición genética y el proceso de mestizaje de las poblaciones Argentinas. En este marco se han analizado marcadores genéticos uniparentales y biparentales en 1356 muestras no relacionadas pertenecientes a 9 localidades de la Región Central del país: Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA), Rosario, Bahía Blanca, Mar del Plata; Noroeste: Salta; Noreste: migrantes al AMBA; y Patagonia: Pto Madryn, Comodoro Rivadavia y Esquel. A nivel autosómico se observa un mayor aporte europeo en el centro del país con el mayor valor en AMBA y Rosario (82%), el componente autóctono por su parte es superior en el sur y norte argentino, particularmente en Salta con el 54%, mientras que el subsahariano presenta un rango del 1 al 5%. Con respecto a los linajes uniparentales se observa que el aporte nativo materno aumenta hacia el norte (80-90%) y hacia el sur del país (60-78%) y disminuye, en promedio al 45% en la región central. Mientras que a nivel del cromosoma Y exhibe valores entre el 2% y 10% en todas las muestras, excepto ESQ con el 23%, revelando un desigual aporte autóctono por género. A partir de los resultados obtenidos se detecta una mayor participación autóctona y africana de lo que suelen afirmar otras fuentes de información histórico-geográficas. Asimismo, las diferencias observadas al interior del país nos advierten que no puede abordarse el análisis de la constitución genética de las poblaciones sin dar cuenta de las particularidades

DIVERSIFICACIÓN Y DIFERENCIACIÓN DE LINAJES PATERNOS DEL GRAN CHACO

Bailliet G¹, LS Jurado Medina¹, J Beltramo¹, S Salceda³, V Ramallo^{1,2}. ¹IMBICE, CICPBA, CCT-CONICET-La Plata ²UFRGS, Porto Alegre, Brasil ³CONICET - FCNyM, La Plata, Argentina.
e-mail: gbailliet@imbice.gov.ar

La región recombinante del cromosoma Y es una herramienta de suma utilidad en el estudio de la diversidad genética de las poblaciones humanas americanas. Este modelo permite identificar los linajes paternos originarios de América y, dentro de estos linajes, dar cuenta de su diversidad genética. Nuestro trabajo en el Gran Chaco se integra al proyecto multidisciplinario “De las historias étnicas a la prehistoria en el Gran Chaco” e involucra el estudio de individuos de filiación étnica wichi, toba, chorote, mocoví, lengua y ayoreo asentados hoy en territorio de Argentina y Paraguay. El Gran Chaco es uno de los últimos ámbitos en

ser poblado de las Tierras Bajas sudamericanas tal como lo demuestran los estudios arqueológicos y ha mantenido una amplia diversidad etnolingüística, todo lo cual lo convierte en un ámbito con interesantes perspectivas para tal abordaje multidisciplinar integrado. Desde esta perspectiva, y a través de nuestro trabajo, pudo reconocerse una amplia diversidad genética organizada en una fuerte estructuración poblacional. En los 118 individuos analizados se identificaron 79 linajes, de los cuales 28% fueron compartidos entre distintas poblaciones, aún distantes geográficamente. El coeficiente de diferenciación entre poblaciones (8%) fue el mayor encontrado entre los linajes autóctonos de poblaciones de Argentina. La red de haplotipos demuestra que los linajes presentan una subestructuración en 3 ramas principales, en cada una de las cuales participan linajes de distintos etnias, reflejando la ausencia de aislamiento entre grupos. Una de estas ramas sugiere diferenciación regional.

MISIONES: CARACTERIZACIÓN DE SU ESTRUCTURA GENÉTICO-POBLACIONAL MEDIANTE MARCADORES HIPERVARIABLES

Argüelles C^a, A Sala^b, M Marino^b, A Fenocchio^a, D Corach^{b a}
Laboratorio de Citogenética y Genética Humana (LACyGH). Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.^b Servicio de Huellas Digitales Genéticas (SHDG). Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires.
e-mail: franciscarguelles@fceqyn.unam.edu.ar

La población de Misiones, asciende a 1.250.000 habitantes (INDEC 2010), conformada por un componente europeo relevante y una contribución amerindia reducida perteneciente a la extracción M'byá Guaraní. El arribo de inmigrantes a la provincia ocurrió a fines del siglo 19° y principios del 20° que según sus creencias y origen geográfico se asentaron en diferentes localidades formando lo que aún se conoce como "colonias". A efectos de determinar la ocurrencia de subestructuración genética se analizaron 446 individuos mediante 15 regiones STRs incluidas en GenePrint® PowerPlex 16™ Kit (Promega). Las muestras derivaron de cuatro subpoblaciones definidas en base al origen geográfico de los donantes: I Posadas (Polacos, Ucranianos), II: Oberá (Escandinavos), III: Eldorado (Alemanes) y IV: Puerto Rico (Suizos). Asimismo, se analizaron 116 muestras de individuos masculinos no relacionados mediante Y-STRs. Los resultados mostraron frecuencias alélicas esperada para estos *loci* bajo la hipótesis de equilibrio de H-W. El haplotipo de cromosoma

Y mas frecuente (14-24-11-13-13) mostró una frecuencia de 0.0015, 0.0013, 0.0017 y 0.002, haplotipo observado en otras poblaciones argentinas. Las distancias genéticas basadas en F_{ST} (0.00008) y R_{ST} (0.00246) no mostraron diferencias significativas entre las cuatro subregiones resaltando el exceso de heterocigotas y la ausencia de endogamia entre ella; confirmando la ausencia de subestructuración genética en la población misionera. Así, los cálculos estadísticos utilizados en estudios de vínculo biológico no requieren de correcciones específicas.

MODELOS EXPERIMENTALES EN ENFERMEDADES COMPLEJAS

Coordinadora: Hinrichsen LI. Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas – CIC-UNR, Universidad Nacional de Rosario
e-mail: lhinrich@unr.edu.ar

El estudio de enfermedades genéticas humanas usando organismos modelo, desde fagos hasta roedores, nos ha enseñado valiosas lecciones acerca de procesos biológicos fundamentales y de mutaciones causantes de enfermedades. A la luz de los conocimientos actuales, cabe preguntarnos ¿resultarán obsoletos, en un futuro no tan lejano, dichos modelos? Los recursos de la Genómica aceleraron el progreso de la identificación de los genes y su función en enfermedades humanas mendelianas. En contraste, en enfermedades complejas como cáncer, enfermedades cardiovasculares, neurológicas o infecciosas, la identificación de los genes implicados se ha mantenido esquiva. Los genes y loci génicos hallados por estudios de asociación de genoma completo (GWAS) son en su mayoría de efecto pequeño y explican una proporción relativamente baja de la heredabilidad total. Determinar los mecanismos de acción ha sido difícil y sólo se ha logrado con muy pocos GWAS. En modelos murinos, con los mismos recursos, se logró identificar genes para una amplia gama de fenotipos que mejoraron nuestra comprensión de los mecanismos genéticos que los determinan. En años pasados, el principal beneficio de organismos modelo no fue facilitar la identificación de genes de enfermedades humanas o de la función específica de esos genes, sino más bien ponerlos en un contexto biológico, cambiar el enfoque del locus individual a las redes genéticas, para entender el efecto del genotipo sobre la actividad de un gen particular y sus variantes. En suma, podemos concluir que estudiar organismos modelo nos ayuda a entender la vida.

UN MODELO DE NEURODESARROLLO ANORMAL Y FISIOPATOLOGÍA DE LA ESQUIZOFRENIA: RIESGO GENÉTICO Y DAÑOS AMBIENTALES.

de Erausquin GA. Roskamp Laboratory of Brain Development, Modulation and Repair and Center for Neuromodulation, Morsani College of Medicine, University of South Florida, USA

Una lesión selectiva de la proyección dopaminérgica a la corteza frontal murina, producida durante el desarrollo embrionario, provoca como respuesta adaptativa la liberación excesiva de dopamina en las estructuras subcorticales (estriatales y límbicas) cuando los animales llegan a la adolescencia (12-16). Este resultado experimental permite explicar teóricamente una paradoja acerca de la esquizofrenia, a saber, que las personas afectadas sufren de algunos síntomas (generalmente clasificados como positivos y que incluyen las alucinaciones y los delirios) que mejoran si se bloquean los receptores de dopamina cerebrales, mientras que otros síntomas quizás más incapacitantes (a los que se clasifica como negativos y que incluyen a los problemas cognitivos y de comunicación o comportamiento social) se correlacionan con una disponibilidad reducida de dopamina en la corteza prefrontal (17-19). Los estudios anatómicos y de imágenes más recientes confirman esta combinación de exceso subcortical y déficit cortical de dopamina en la esquizofrenia (20-25). Mi laboratorio describió exhaustivamente el mecanismo molecular que explica la susceptibilidad de las neuronas dopaminérgicas embrionarias a ciertos estímulos ambientales (como la infección materna con influenza durante el embarazo y la hipoxia perinatal) que aumentan el riesgo de esquizofrenia en la prole. En este momento estamos repitiendo los mismos experimentos en neuronas derivadas de los fibroblastos de pacientes con esquizofrenia, sus hermanos sanos y de controles normales apareados en edad, educación y sexo. Dado que estos experimentos se llevan a cabo en exactamente el mismo ambiente genético que produjo la enfermedad o la resistencia a la misma, nos permiten evaluar el papel de los genes en el mecanismo de producción de la esquizofrenia, y pueden indicar nuevos blancos terapéuticos para su prevención.

LAS LÍNEAS ENDOCRIADAS DE RATÓN CBI-IGE COMO MODELO PARA EL ESTUDIO DE LA INMUNOEDICIÓN TUMORAL

Rozados VR. Instituto de Genética Experimental (IGE), Facultad de Ciencias Médicas UNR.
e-mail: viviana.rozados@gmail.com

La utilización de modelos animales en el proceso tumorigénico ha sido de gran ayuda para comprender aspectos claves de este proceso. Usualmente, en estos modelos, las células tumorales suelen tener mutaciones génicas similares a las que presentan los tumores humanos, indicando que el control del desarrollo tumoral utiliza mecanismos equivalentes en ambas especies. La interacción entre el sistema inmune (SI) y las células tumorales es muy compleja. El SI no sólo protege contra el desarrollo de tumores sino que también puede promover el crecimiento tumoral. Este efecto dual del SI ha llevado al desarrollo de la Teoría de la "Inmunoedición" (IET), que consta de tres pasos: equilibrio, escape y eliminación. El IGE cuenta con las líneas de ratón CBi y CBi/L, las que se originaron a partir de la línea CBi en un experimento de selección divergente por conformación corporal. Actualmente las líneas tienen más de 100 generaciones de cría selectiva y presentan un comportamiento heterogéneo al ser desafiadas con el adenocarcinoma de mama M-406, que surgió espontáneamente en la línea CBi. El tumor crece en forma exponencial en la línea CBi y regresa en la línea CBi. Por el contrario, la línea CBi/L presenta las tres fases de la IET, en algunos animales el tumor crece, en otros regresa y en un tercer grupo, el tumor entra en un estado de equilibrio. La identificación de los mecanismos de esas diferentes respuestas es un aspecto novedoso de la investigación del cáncer, importante en términos de proporcionar tanto nuevas opciones terapéuticas como quimiopreventivas.

CONTRIBUCIÓN DE MODELOS ANIMALES KNOCKOUT PARA EL ENTENDIMIENTO DE LA HIPERTENSIÓN Y ATROSCLEROSIS

Corral Vasquez E. Escuela de Ciencias de la Salud de la Santa Casa de Vitoria y Universidad Federal del Espirito Santo, Vitoria, Brasil
e-mail: evasquez@pq.cnpq.br

Modelos de ratones genéticamente modificados y los avances en la biotecnología han dado amplia ayuda a los estudios experimentales de estados patológicos cardiovasculares como la aterosclerosis y la hipertensión. Entre los

modelos disponibles que se han desarrollado para estudiar la aterosclerosis, el ratón no-caut para la apolipoproteína E es el ideal. Este animal desarrolla hipercolesterolemia espontánea en un tiempo corto y desarrolla lesiones similares a las que se encuentran en los seres humanos. Este animal ha contribuido en gran medida a la comprensión de la aterosclerosis. En este simposio, vamos a ofrecer una visión general de los fenotipos lipídicos y cardiovasculares de este modelo y posibles terapias génicas, celulares y farmacológicas que se han investigado en este animal. Ratones modificados también han proporcionado herramientas poderosas para el estudio de los mecanismos que subyacen a la hipertensión arterial. Entre las opciones, el modelo de la hipertensión dependiente de la angiotensina representa una herramienta útil para el estudio de la hipertensión secundaria. En este simposio, vamos a mostrar los nuevos puntos de vista de los enfoques que han sido utilizados. Los estudios se han centrado en la disfunción endotelial de vasos de resistencia y de conductancia y la forma en que se ve influenciada por el óxido nítrico, estrés oxidativo y envejecimiento. Las principales técnicas utilizadas han sido la citometría de flujo, el ensayo del cometa y las técnicas de detección de la senescencia, daños en el ADN y apoptosis. Apoyo: FAPES/Universal 2011 y CNPq.

APORTES DEL MODELO MURINO CBI-IGE AL ESTUDIO DE LA INTERACCIÓN HUÉSPED-PARÁSITO EN LA TRICHINELLOSIS

Hinrichsen LI. Instituto de Genética Experimental (IGE), Facultad de Ciencias Médicas – CIC-UNR, Universidad Nacional de Rosario
e-mail: lhinrich@unr.edu.ar

La resistencia a nematodos es un carácter fisiológico y genéticamente complejo, difícil de medir. De todas las relaciones que existen entre los seres vivos el parasitismo es lejos la más compleja. El huésped es el medio ambiente del parásito y en él desarrolla su actividad vital para sobrevivir y reproducirse llevando la infección a la cronicidad. La respuesta del huésped ante una infección parasitaria no es pasiva, reacciona adaptativamente ante el agente extraño. La trichinellosis, una zoonosis de preocupación mundial, se caracteriza porque su comienzo no tiene signos ni síntomas patognomónicos y, establecida la infección, no existe tratamiento que la limite, por lo que el análisis de nuevos modelos animales que permitan comprender la interrel-

ación huésped-parásito es importante en esta parasitosis. Entre los factores que intervienen en la relación huésped-parásito, el genotipo del huésped juega un rol significativo en el establecimiento de la parasitosis. El IGE dispone de un modelo experimental (CBI-IGE) formado por cuatro líneas de ratones (CBI+, CBI-, CBI/L y CBI/C), obtenidas por selección artificial divergente a partir de la línea de ratones CBI que se mantiene como testigo sin selección, que han demostrado diferencias en su comportamiento ante infecciones naturales o experimentales con diferentes parásitos. La variabilidad en la respuesta observada en este modelo sugiere su utilidad potencial para dilucidar los mecanismos que regulan la relación compleja y dinámica entre parásito y huésped y también los que participan en la inducción y permanencia de la enfermedad.

GENÉTICA MÉDICA Y SALUD PÚBLICA: EXPERIENCIAS ARGENTINAS

Coordinadores: Vilte M. Programa de Genética del Hospital de autogestión "Dr Arturo Oñativia". Provincia de Salta.
e-mail: paolavilte@yahoo.com

Dipierri JE. Servicio de Genética de Hospital de Niños "Dr Hector Quintana". Provincia de Jujuy
e-mail: jedipierri49@yahoo.com

Desde el punto de vista conceptual la integración de la Genética Médica con la Salud Pública ha experimentado un gran desarrollo en las últimas décadas. Existe más de un concepto para definir este campo de integración teórico y procedimental: Public Health Genetics and Genómica, Community Medical Genetics. En nuestro medio no existe aún una única forma de denominar estos aspectos sanitarios y socio-comunitarios de la Genética Médica. Los términos son vagos, confusos y elípticos y a menudo se superponen. Los profesionales relacionados a la Genética Médica, la comunidad médica en general y la sociedad no se ha apoderado aún plenamente de estos conceptos y sus términos ligándolos plenamente a sus discursos y prácticas. No obstante estas limitaciones epistemológicas en Argentina se ha avanzado enormemente en este campo de la Salud Pública relacionado a la Genética Médica. Este avance se traduce por la promulgación de leyes, creación de redes de integración, capacitación docente, etc. Este simposio tiene como objetivo dar a conocer algunas de estas experiencias logradas en nuestro país a partir de la toma de conciencia de la importancia de la genética en la salud pública y el impacto en la mortalidad infantil.

CAPACITACIÓN EN GENÉTICA PARA PROFESIONALES DE LA SALUD DEL PRIMER NIVEL DE ATENCIÓN

Barreiro CZ. Coordinadora Proyecto capacitación en Genética para APS FHG-SAP
e-mail: cbarreiro42@hotmail.com

El desarrollo económico-social y el control de las infecciones y la desnutrición infantil están determinando un aumento de la importancia relativa de las enfermedades de origen genético y de los defectos congénitos en general como causa de morbi-mortalidad en las sociedades modernas. Se describe estrategias de capacitación en genética que permitió en la provincia del Chaco la atención pacientes con anomalías congénitas. Chaco es una de las 10 provincias carente de servicios de genética. Objetivos: Posibilitar la atención en genética usando como recurso la capacitación, formación de docentes locales y replicación del modelo en otras provincias del país. Materiales y métodos: Construcción de un marco lógico. Relevamiento del recurso humano y de conocimientos en genética. Diseño e impresión de material educativo. Recepción de interconsultas. Resultados: Los profesionales de salud aprendieron a reconocer factores de riesgo y dismorfias; a través de seminarios con casos clínicos y experiencia en consultorio docente. Traduciéndose en un incremento del número de interconsultas. Conclusiones: La educación como herramienta generó los primeros pasos para el cambio socio-sanitario en el Chaco, los pacientes tienen acceso a servicios locales para su atención conectados al Hospital Garrahan. Ha sido novedosa las actividades basadas en casos clínicos durante los seminarios; y la participación de los asistentes en prácticas en consultorio docente. La capacitación se extendió a otras provincias del NOA y Patagonia.

REGISTRO NACIONAL DE ANOMALÍAS CONGÉNITAS (RENAC): OBJETIVOS, FUNCIONAMIENTO Y ALCANCES.

Liascovich R. Centro Nacional de Genética Médica (ANLIS) y Programa Red Nacional de Genética Médica, Ministerio de Salud, Argentina.
e-mail: rosaliascovich@hotmail.com

En Argentina la mortalidad infantil es 11,7 por mil y las anomalías congénitas (AC), su segunda causa, explican el 25% de estas defunciones. Varias acciones de prevención integran la agenda sanitaria (vacunación antirrubélica, fortificación de la harina de trigo con ácido fólico, línea

de consulta sobre agentes teratogénicos, pesquisa neonatal de metabolopatías). Sin embargo, la ocurrencia de AC en recién nacidos no se registraba sistemáticamente en las estadísticas oficiales. El Registro Nacional de Anomalías Congénitas (RENAC) se creó en 2009 y sus principales objetivos son producir conocimiento epidemiológico sobre AC y detectar precozmente recién nacidos con AC mayores para facilitar su atención oportuna. Se inició en 125 hospitales públicos con ≥ 1.000 partos anuales y la cobertura actual es de 300.000 nacimientos/año (75% del sector público y 40% del total). La recolección de datos está a cargo de neonatólogos y se utiliza un foro on-line para el envío de la información y la interacción entre los participantes. La coordinación centraliza la codificación, análisis estadísticos y reportes periódicos. Fortalezas: alta cobertura en el sector público; simplicidad operativa; normas estandarizadas; codificación a cargo de genetistas; utilidad en el contexto clínico local. Debilidades: falta incorporar instituciones no públicas; no registra AC después del alta ni en interrupciones del embarazo; posible sobreestimación de la prevalencia de AC detectadas prenatalmente y derivadas a los hospitales con RENAC; sólo registra factores de riesgo a través de investigaciones especiales.

REGISTRO NACIONAL DE ANOMALÍAS CONGÉNITAS (RENAC): OBJETIVOS, FUNCIONAMIENTO Y ALCANCES.

Liascovich R. Centro Nacional de Genética Médica (ANLIS) y Programa Red Nacional de Genética Médica, Ministerio de Salud, Argentina.
e-mail: rosaliascovich@hotmail.com

En Argentina la mortalidad infantil es 11,7 por mil y las anomalías congénitas (AC), su segunda causa, explican el 25% de estas defunciones. Varias acciones de prevención integran la agenda sanitaria (vacunación antirrubélica, fortificación de la harina de trigo con ácido fólico, línea de consulta sobre agentes teratogénicos, pesquisa neonatal de metabolopatías). Sin embargo, la ocurrencia de AC en recién nacidos no se registraba sistemáticamente en las estadísticas oficiales. El Registro Nacional de Anomalías Congénitas (RENAC) se creó en 2009 y sus principales objetivos son producir conocimiento epidemiológico sobre AC y detectar precozmente recién nacidos con AC mayores para facilitar su atención oportuna. Se inició en 125 hospitales públicos con ≥ 1.000 partos anuales y la cobertura actual es de 300.000 nacimientos/año (75% del

sector público y 40% del total). La recolección de datos está a cargo de neonatólogos y se utiliza un foro on-line para el envío de la información y la interacción entre los participantes. La coordinación centraliza la codificación, análisis estadísticos y reportes periódicos. Fortalezas: alta cobertura en el sector público; simplicidad operativa; normas estandarizadas; codificación a cargo de genetistas; utilidad en el contexto clínico local. Debilidades: falta incorporar instituciones no públicas; no registra AC después del alta ni en interrupciones del embarazo; posible sobreestimación de la prevalencia de AC detectadas prenatalmente y derivadas a los hospitales con RENAC; sólo registra factores de riesgo a través de investigaciones especiales.

EXPOSICIÓN A AGENTES TERATOGÉNICOS: LA LÍNEA SALUD FETAL.

Barbero P. Línea de Salud Fetal. Centro Nacional de Genética Médica. Ministerio de Salud. Argentina.
e-mail: pablobarbero63@hotmail.com

Los agentes teratogénicos se definen como cualquier sustancia, organismo o agente físico que estando presente durante el desarrollo embrionario o fetal, produce una anomalía congénita en la descendencia. Incluyen medicamentos, drogas de abuso, radiaciones ionizantes, contaminantes, infecciones u otras enfermedades de la embarazada, etc. Se estima que el 10% de los casos con anomalías congénitas responden a una causa teratogénica reconocida. La Línea Salud Fetal es un servicio de información sobre agentes teratogénicos que provee información actualizada a profesionales de la salud y a la población general sobre los potenciales riesgos de este grupo de agentes. Los objetivos de este servicio son: prevención primaria de anomalías congénitas evitando la exposición a factores de riesgo, contribuir a tomar decisiones informadas sobre tratamiento en gestantes, prevenir abortos innecesarios de embarazos deseados y contribuir a la investigación de los agentes teratogénicos. La mayor parte de las consultas las realizan las mismas pacientes siendo el motivo de consulta más fre-

cuenta la exposición a medicamentos. El 75% de las consultas ocurre en gestantes que se expusieron inadvertidamente a un agente, situación dada por la alta proporción de embarazos no planificados en nuestro país. En conclusión las anomalías congénitas de causa teratogénica son los más fácilmente prevenibles, la Línea Salud Fetal representa una herramienta en el área de la salud pública que contribuye a la prevención primaria de estas patologías.

MORTALIDAD INFANTIL POR MALFORMACIONES CONGÉNITAS EN AMÉRICA DEL SUR: LOS CASOS DE ARGENTINA, BRASIL Y CHILE

Bronberg RA. Área de Genética Médica y Poblacional, Sección Neonatología, Hospital General de Agudos "Dr. José María Ramos Mejía"
e-mail: rabronberg@intramed.net

En Argentina, Chile y Brasil nacieron entre 1998-2009 48.000.000 de niños y fallecieron 130.000 por malformaciones congénitas (MC), constituyendo estas la segunda causa de mortalidad infantil (MI) (>27%). Se analiza en estos países la tendencia secular (TS) y la variación espacial de la MI por MC utilizando dos indicadores, la tasa de MI por MC (TMIMC) y el porcentaje de muertos por MC (%MMC). La TMIMC promedio en Argentina, Chile y Brasil fue de 3,39 2,97 y 2,56‰ respectivamente y el %MMC promedio de 22,3 33,9 y 14,3% respectivamente. La TMIMC exhibió una TS negativa en Argentina (-0,0192) y Chile (-0,0165) y positiva en Brasil (0,0154). El %MMC presentó una TS positiva en Argentina (0,0216), Chile (0,0100) y Brasil (0,0552). Entre 2006-2009 y 1998-2001 el riesgo de morir por una MC disminuyó en Argentina (14,1%) y Chile (13,5%) y aumentó en Brasil (13,7%), mientras que morir con una malformación en el conjunto de los fallecidos durante el primer año de vida aumentó en Argentina (17,9%), Chile (8,8%) y Brasil (56,5%). En los 3 países se observaron diferencias interregionales de la TMIMC y del %MMC. El patrón

de MI por MC difiere entre países, en Argentina y Chile la TMIMC disminuye y el % MMC aumenta, en Brasil aumentan ambos indicadores. Los resultados alcanzados dan cuenta de la importancia de profundizar el análisis e interpretación del comportamiento espacial y temporal de la MI por MC en América del Sur a fin de contribuir a la formulación de políticas nacionales específicas en relación a la prevención de los defectos congénitos y disminución de la MI por MC.

INGENIERÍA GENÉTICA Y MEJORAMIENTO DE CULTIVOS

Coordinador: Castagnaro AP. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOVA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Avenida William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina. CP: T4101XAC. e-mail: atilio@eeaoc.org.ar.

Si se tiene en cuenta tanto la superficie cultivada como el producto regional bruto (PRB) o cualquier otro indicador socioeconómico, los cultivos vegetales y sus agroindustrias derivadas, más importantes del noroeste argentino son la caña de azúcar, los cítricos y la soja. En el presente simposio se exploran algunas de las aplicaciones más relevantes que ha tenido el reciente avance de la genética, la biología molecular y de sistemas, para contribuir con la sostenibilidad social, ambiental, energética y económica de las mencionadas cadenas agroindustriales.

BIOTECHNOLOGICAL TOOLS: ISOLATION AND CHARACTERIZATION OF INDUCIBLE AND ROOT-SPECIFIC PROMOTERS FROM SOYBEAN

Weber RLM; L Pereira Dias; MH Bodanese-Zanettini. Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. e-mail: maria.zanettini@ufrgs.br

Promoters play a central role in the regulation of gene expression, determining when, where and to what extent a gene is expressed. Transgenic plants with a strong constitutive expression of functional genes and/or transcription factors often suffer from undesirable phenotypes. The use of differentially regulated promoters is drawing increasing attention from research groups interested in controlling transgene expression in response to environmental stimuli, wounding or in specific tissues. The aim of this study is to isolate and characterize putative root-specific and drought-inducible promoters from soybean. Four genes expressed predominantly in roots and five genes induced by drought-stress were identified. The expression profile of the five genes related to drought stress was analyzed in a highly sensitive and a slightly sensitive soybean cultivar submitted to dehydration stress. The coding sequences of the putative root-specific and inducible genes were aligned to the soybean genome and about 1000 to 2000 bp upstream of the start codon were used for primers design. *In silico* analysis showed that *cis*-elements related to root-specific expression and involved in different stress responses were identified in the putative root-specific and drought-induced studied promoters, respectively. To analyze their activities, the promoters were subcloned into pCAMBIA1300 vectors upstream of the GUS reporter gene. *Agrobacterium rhizogenes* containing the recombinant plasmids were used to induce transformed hairy roots in soybean. Preliminary results have shown that three root-specific promoters directed GUS expression in stably-transformed soybean hairy roots. Tobacco and soybean transformation experiments are being carried out in order to confirm the predominant root gene expression in complete transgenic plants. Our expectation is that, in the future, these promoters could be used for soybean genetic engineering.

THE NATURE AND ORIGIN OF SWEET ORANGE AND OTHER CITRUS TYPES ARE REVEALED BY COMPARATIVE GENOME SEQUENCE ANALYSES

Gmitter FG Jr. University of Florida. Citrus Research and Education Center. Lake Alfred, FL 33809 USA

The International Citrus Genome Consortium (ICGC) collaboratively produced and analyzed full genome sequences of several important citrus cultivar types, including mandarins (*Citrus reticulata*: haploid and diploid Clementine, Ponkan, Willowleaf, and W. Murcott), pummelos (*Citrus maxima*: Chandler and Siamese Sweet), Ridge Pineapple sweet orange (*Citrus sinensis*), and sour orange (*Citrus aurantium*). The haploid Clementine sequence was the first high quality reference citrus genome to be made publicly available, followed shortly thereafter by the diploid Ridge Pineapple sweet orange (<http://www.phytozome.net>). Previously, the binomials for these “species” were as indicated above, and certain assumptions regarding their origins and taxonomic relationships were commonly accepted by the citrus genetics community. However, comparative analyses of these genome sequences revealed the true underlying nature of their origins and taxonomic relationships. The genomes of the two ancestral species, *C. reticulata* and *C. maxima*, were able to be deduced. The interspecific introgressions of these species into sweet and sour oranges, as well as in several mandarin cultivars that might have been considered representatives of *C. reticulata*, were revealed. Finally, a model explaining the origin of sweet orange, the most widely grown citrus type globally, was derived. The implications of these findings on the future course of citrus genetic improvement will be presented.

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE CAÑA DE AZÚCAR: ESTRATEGIAS PARA APLICACIÓN PRÁCTICA

Welin B. Sección Biotecnología de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Av. William Cross 3150, CP: T4101XAC, Las Talitas, Tucumán, Argentina.
e-mail: bwelin@gmail.com

Transformación genética es una muy poderosa herramienta para mejorar la productividad en un cultivo, permitiendo uso de material genética sin la necesidad de cruces sexuales. Los beneficios de la tecnología han sido mostrados en los cultivos soja y maíz entre otros y esto ha generado mucho interés para desarrollar variedades GM por parte del sector productivo en caña de azúcar. Sin embargo, caña de azúcar tiene un genoma altamente complejo de alopoliploidía y anueploidía y con relativamente alta frecuencia de variación somaclonal durante cultivación *in vitro*. Además, es una especie muy recalcitrante a la transformación genética lo que significa una necesidad de desarrollar un sistema de transformación y regeneración de tejido vegetal robusto y reproducible para lograr obtener líneas transformadas con las mismas características de la línea madre.

La Sección de Biotecnología de la EEAOC ha trabajado fuertemente en los últimos 7 años para desarrollar la tecnología de transformación genética en caña de azúcar. Hemos desarrollado un sistema de transformación basado en biobalística de callos y subsecuente regeneración de tejido vegetal en diferentes variedades comerciales de la EEAOC. En los últimos años hemos estudiado el comportamiento agronómico e industrial de líneas transformadas en ensayos de campo y estamos desarrollando un sistema de marcadores moleculares para una evaluación genética rápida y barata.

DESARROLLO DE ESTRATEGIAS GENÓMICAS Y POST-GENÓMICAS PARA EL MEJORAMIENTO ASISTIDO DEL GIRASOL.

Heinz R, N Paniego. Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina.
e-mail: rheinz@cni.inta.gov.ar

La integración de estrategias derivadas de la genómica, transcriptómica, metabolómica y bioinformática permite desarrollar herramientas útiles para su utilización en el mejoramiento asistido. Entre los factores que limitan la producción del cultivo de girasol, se destacan la senescencia foliar prematura y los estreses bióticos y abióticos. Entre estos últimos, la tolerancia a estrés hídrico y la resistencia al patógeno *Sclerotinia sclerotiorum*, constituyen caracteres claves para los programas de mejoramiento del cultivo. En este trabajo se presentarán las estrategias genómicas abordadas para la identificación de genes candidatos, alelos y QTL asociados a dichos caracteres. Estas estrategias incluyen el desarrollo y adopción de tecnología genotipificación de mediano a alto desempeño, el mapeo de QTL sobre poblaciones biparentales, el mapeo por asociación en poblaciones de base genética diversa, la identificación de cambios concertados de perfiles transcripcionales y metabólicos en genotipos contrastantes y/o en distintas condiciones de cultivo o en distintos estadios de desarrollo y la caracterización funcional de genes candidatos asociados al proceso de senescencia y la defensa a patógenos. Se ejemplificarán aplicaciones de un microarreglo de oligonucleótidos de alta densidad desarrollado localmente para análisis de expresión concertada y su integración con perfiles metabólicos para esclarecer los mecanismos de regulación involucrados en los sistemas en estudio y fortalecer la selección de genes candidatos robustos para el desarrollo ulterior de marcadores funcionales.

PLATAFORMAS AUTOMÁTICAS DE FENOTIPADO: UNA NUEVA HERRAMIENTA PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Aguirrezábal L, L Velázquez, L Peirone, I Alberdi, G Pereyra Irujo. Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad Integrada Balcarce INTA - Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.
e-mail: laguirrezabal@balcarce.inta.gov.ar

Se presentan ejemplos de automatización de la evaluación fenotípica de respuestas al déficit hídrico en el marco de estudios de las bases genéticas de la tolerancia a la sequía en soja y girasol. Se utilizó una plataforma que automatiza la imposición y control del déficit hídrico del suelo y la medición de la transpiración y el crecimiento de las plantas. En soja, se cuantificó la tolerancia a sequía en distintos genotipos con el objetivo de seleccionar parentales para poblaciones de mapeo, en los cuales se buscó identificar los mecanismos fisiológicos subyacentes a la tolerancia. Mediciones horarias de transpiración durante el periodo luminoso y oscuro mostraron una menor conductancia estomática nocturna en el genotipo tolerante, carácter asociado a una mayor eficiencia de uso de agua. En girasol, se investigó la eficiencia de uso de agua (EUA) bajo condiciones sin limitaciones hídricas y bajo déficit hídrico en una población de líneas recombinantes endocriadas derivadas de un cruzamiento entre genotipos con respuesta contrastante a sequía. Se identificaron dos QTL asociados significativamente con la EUA bajo sequía, que no estuvieron asociados a la EUA en plantas bien regadas. Una mayor EUA se asoció con una tasa menor de transpiración por unidad de área foliar y no con la biomasa aérea (mediciones que pueden ser estimadas por la plataforma de forma no destructiva). Esta plataforma automática facilitó y permitió realizar con mayor precisión la evaluación fenotípica de los caracteres medidos, obteniendo información útil para programas de mejoramiento genético.

GENÉTICA CARDIOVASCULAR

Coordinador: Aranda EI. Centro Nacional de Genética Médica - A.N.L.I.S. - Dr. C. Malbrán
e-mail: eiaranda@infovia.com.ar

Las enfermedades no transmisibles constituyen la principal causa de mortalidad y morbilidad en los países industrializados y un problema de rápido crecimiento en los

países en vías de desarrollo. Argentina ocupa el cuarto lugar en el continente americano en mortalidad cardiovascular. Desde el punto de vista de la genética, las enfermedades cardiovasculares (EC) son en su mayoría el resultado de interacciones complejas entre factores genéticos y factores ambientales y se clasifican como enfermedades multifactoriales de origen poligénico, mientras que una minoría responde a un origen monogénico. El origen, la prevención y el tratamiento de las EC reconocen su carácter multifactorial. Es importante resaltar que en general las características genéticas tienen un rol más importante en las manifestaciones más tempranas de las EC. Comprender el rol de los genes involucrados permitirá mejorar nuestro conocimiento sobre su etiología y facilitar la identificación temprana de individuos con riesgo aumentado de EC, predecir su grado de progresión, su severidad y también su prevención y/o tratamiento. El carácter multifactorial de esta temática nos obliga a considerar aspectos más amplios que contemplan la interacción epigenética y el ambiente, y apuntan a una medicina genómica y personalizada. En este sentido, la Farmacogenética y la Nutrigenómica son una nueva rama de la ciencia que impacta con mucha fuerza sobre esta temática.

FARMACOGENÉTICA DE DROGAS UTILIZADAS EN EL TRATAMIENTO DE LA DISLIPEMIAS O COAGULACIÓN.

Polisecki E. Boston Heart Diagnostics, Massachusetts USA
e-mail: epolisecki@bostonheartdx.com

Aproximadamente uno de cada tres pacientes no responde correctamente a cualquier terapia farmacológica prescrita. Los ingresos hospitalarios debido a reacciones adversas por fármacos representan entre el 2 y 6 %. La farmacogenética estudia las bases genéticas de las diferencias interindividuales en la respuesta a fármacos, con el fin de desarrollar una terapia más eficaz y segura, reduciendo los costos, y por tanto mejorando la calidad asistencial. Las enfermedades cardiovasculares es una de las principales causas de muerte en el mundo. Diversos estudios muestran que los efectos adversos y/o respuesta eficaz a drogas cardiovasculares están afectados por variaciones en genes que codifican enzimas que metabolizan la droga, transportadores (farmacocinética) o el blanco de acción (farmacodinamia). Las tres áreas terapéuticas relacionadas a las enfer-

medades cardiovasculares donde la farmacogenómica ya se está utilizando con relevancia clínica son: anticoagulantes (warfarina), antiplaquetarios (clopidogrel) e hipocolesterolémicos (estatinas). Con respecto a los dos primeros grupos, sus fichas técnicas han sido actualizadas con la adición de recomendaciones de análisis genéticos. La FDA (*Food and Drug Administration*) ya ha aprobado tests farmacogenéticos disponibles comercialmente, que detectan las variaciones genéticas del paciente antes de recetar la droga. El descubrimiento de la farmacogenómica y la información que suministra en relación con el manejo de la enfermedad cardiovascular constituye un avance considerable en el tratamiento de esta enfermedad de alta prevalencia y mortalidad

GENÉTICA Y EPIGENÉTICA DEL SÍNDROME METABÓLICO.

Pirola CJ. FAHA, FASHG. Departamento de Genética y Biología Molecular de Enfermedades Complejas. Instituto de Investigaciones Médicas A Lanari-IDIM. Universidad de Buenos Aires-CONICET, Buenos Aires, Argentina.
e-mail: cpirola@ciudad.com.ar

El Síndrome Metabólico (SM) es un riesgo prevalente de enfermedad cardiovascular y diabetes tipo 2 (T2D). Aunque la definición del fenotipo sea imprecisa, el SM incluye enfermedades como la T2D, dislipidemias, obesidad central e hipertensión arterial, además de un estado proinflamatorio y protrombótico, poliquistosis ovárica y esteatosis hepática. La Genética de estas enfermedades es compleja y varía en un espectro desde formas monogénicas y sindrómicas, usualmente raras, a la(s) más común(es) forma(s) poligénica(s) y multifactorial(es). Raramente pacientes con una enfermedad mendeliana, como obesidad por mutaciones en el MC4R y el PPAR γ expresan el cluster de anomalías del SM. Los modelos animales a través de la genómica comparativa pueden proveer un mapa de regiones genómicas candidatas. Por ej: se han encontrado más de 26 regiones cromosómicas con genes asociados a hipertensión y otras tantas a obesidad y T2D. Además, estudios de nuestro y otros grupos en humanos utilizando genes candidatos o escaneo del genoma completo (GWAS) indican que variantes comunes de genes como *TNFA*, *ADRB3*, *SLC6A4*, *INSIG2*, *GAD2*, *CLOCK*, *FTO* están asociadas al desarrollo del SM. Aunque los GWAS han provisto de una lista de varios cientos de genes posible-

mente asociados a componentes del SM, esta puede ser tamizada usando herramientas bioinformáticas. Siguiendo esta aproximación nosotros encontramos que variantes comunes del *HNF4A* y el *IGF1R* están asociadas a T2D y resistencia a insulina e hipertensión arterial, respectivamente. Finalmente, las características epigenéticas como la estructura de la cromatina regulada por la metilación del DNA y modificaciones covalentes de las histonas pueden jugar un papel en el desarrollo del SM, lo cual es bien conocido para el Cáncer. Las modificaciones epigenéticas pueden transferirse a través de generaciones y depender de influencias ambientales como la dieta y el cuidado perinatal. Luego, las modificaciones epigenéticas son candidatas ideales para explicar la conocida relación entre el crecimiento fetal y el desarrollo de SM en la adultez, la hipótesis de Barker. Nosotros hemos encontrado que la metilación del DNA en la región promotora de genes importantes en la biogénesis mitocondrial como *PPARGC1A* and *Tfam* esta relacionado al índice de masa corporal de la madre en neonatos y la resistencia a insulina en adolescentes. Lo que es coherente con una disminución del DNA mitocondrial en ambos extremos del crecimiento fetal (neonatos de bajo o alto peso para su edad gestacional) o adolescentes con insulino resistencia. Como con muchas enfermedades complejas es prematuro proponer tests genéticos para su diagnóstico (por lo menos para las formas poligénicas u multifactoriales) y su tratamiento. Sin embargo, el papel en el desarrollo del SM de genes como *SLC6A4*, *PPARa* y *PPARg* cuyos productos son el blanco de drogas aprobadas puede sugerir nuevas vías de tratamiento farmacológico del SM y reforzar las recomendaciones de cambios en los hábitos de vida.

GENÉTICA DE LA HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR

Bañares VG. Centro Nacional de Genética Médica
e-mail: vgbaniaries@hotmail.com

La Hipercolesterolemia Familiar (HF) es un desorden del metabolismo lipoproteico con niveles elevados de colesterol de lipoproteína de alta densidad, aterosclerosis prematura y riesgo alto de enfermedad cardiovascular temprana. Su frecuencia es de 1/500 y su herencia autosómica dominante. Se origina por variaciones genéticas en el receptor de las lipoproteínas de baja densidad (RLDL), apoproteína B (APOB) y proaproteína convertasa subtilisin/

kexin tipo 9 (PCSK9). Los afectados necesitan estatinas potentes, dosis altas, terapias combinadas y están emergiendo nuevas estrategias terapéuticas de acción específica. El LDLR concentra la mayor parte de las variantes genéticas, 70-80%, 5,5% en APOB, 1,5% en PCSK9 y en un 15% no se identifica ningún cambio. La gran diversidad de mutaciones, más de 1600 en RLDL, hace que los métodos de secuenciación directa sean los más empleados junto con la técnica de *multiplex ligation-probe amplification* para detectar inserciones/deleciones (5%), técnicas sensitivas y específicas pero costosas y laboriosas. También hay *microarrays* pero se limitan a un grupo de mutaciones y son costosos. Hoy ya se propone la secuenciación de última generación para la HF. Los paneles de expertos remarcan la importancia de la identificación temprana, un tratamiento agresivo y el *screening* de los familiares en primer grado con el fin de prevenir las complicaciones y es el análisis genético el que permite su detección temprana.

VARIANTES GENÉTICAS EN EL SISTEMA ENDOTELIAL E HIPERTENSIÓN SENSIBLE A LA SAL: EL ESTUDIO GENSALT

Defagó MD. Centro de Excelencia en Salud Cardiovascular para el Cono Sur, Instituto de Efectividad Clínica y Sanitaria, Buenos Aires, Argentina. Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Médicas, Escuela de Nutrición. Córdoba, Argentina
e-mail: danieladefago@hotmail.com

Se examinó la asociación entre las variantes genéticas comunes de 14 genes candidatos del sistema endotelial y la presión arterial (PA) sensible a la sal. Participaron en la intervención dietética 1.906 participantes del estudio GenSalt. Se realizaron 7 días de dieta baja en sodio seguido de una intervención de alto contenido de sodio durante 7 días. Se realizaron mediciones de la PA al inicio y al final de cada período de intervención. La respuesta de la presión arterial sistólica (PAS) y la presión arterial media (PAM) a la dieta con bajo sodio disminuyó con el número alelos G rs11161637 del gen DDAH1. Los participantes con genotipos A/A, A/G y G/G tuvieron respuestas de PAS de -6,20, -5,38 y -4,02 mm Hg, respectivamente, y de PAM de -4,08, -3,43 y -2,45 mm Hg, respectivamente. La respuesta de la PA diastólica (PAD) y la PAM al bajo sodio aumentó con cada copia del alelo C rs2239153 del gen VWF. Para genotipos T/T, T/C y C/C, las respuestas de PAD fueron -2,13, -3,09 y -3,38 mm Hg, respectivamente, y las de PAM fueron -3,13, -4,08 y -4,43 mm Hg, respectivamente. Se observó una relación inversa entre la

variante rs2838944 del gen COL18A1 y las respuestas de PAD y PAM en ingesta lata de sodio. Entre los participantes con los genotipos G/G, G/A y A/A las respuestas de PAD fueron 1,83, 0,65 y -1,03 mm Hg, respectivamente, y las respuestas PAM fueron 2,78, 1,72 y -0,04 mm Hg, respectivamente.

Los resultados obtenidos respaldan el rol de los genes del sistema endotelial DDAH1, VWF y COL18A1, en la sensibilidad a la sal.

CAÑA DE AZÚCAR, CULTIVO DE IMPORTANCIA PARA EL NOA.

Coordinador: Castagnaro AP. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Avenida William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina. CP: T4101XAC.
e-mail: atilio@eeaoc.org.ar.

La agroindustria azucarera que en la actualidad se proyecta además hacia la bioenergía con la producción de alcohol combustible y de electricidad, es la industria “pesada” más antigua del país y tiene al Noroeste Argentino como la región donde ha alcanzado su máximo desarrollo. Sólo en Tucumán, que contribuye con alrededor del 60% de la producción de azúcar de Argentina, hay 15 fábricas y más de 5.500 agricultores que cultivan unas 244.000 Ha, lo que pone en relieve la importancia social que tiene esta agroindustria en la región. En este contexto, el presente simposio muestra los avances tecnológicos desarrollados a partir de la genética, que han tenido o pueden tener un mayor impacto productivo.

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR, UN CULTIVO DE IMPORTANCIA ESTRATEGICA REGIONAL

Cuenya MI. Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán
e-mail: micuenya@eeaoc.org.ar

La agroindustria derivada del cultivo de la caña de azúcar constituye una actividad de gran importancia socio-económica para las provincias de Tucumán, Jujuy y Salta. Esta agroindustria, tradicionalmente productora de azúcar, posee una perspectiva futura de generación de energía, en niveles crecientes, y de otros bioproductos, por lo cual, la caña de azúcar se perfila como un cultivo de significa-

tiva importancia estratégica regional. Dentro del contexto agrícola, las variedades genéticamente mejoradas, constituyen la tecnología clave para incrementar la productividad del cultivo. En este trabajo se describen los procedimientos utilizados dentro del Programa de Mejoramiento Genético de la Caña de Azúcar (PMGCA) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC, Tucumán) para la obtención de nuevas variedades. La caña de azúcar es un cultivo de reproducción agámica y posee una alta complejidad genética con fenómenos de poliploidía, aneuploidía y alopoliploidía. Se plantea, en consecuencia, las dificultades para alcanzar las diferentes metas propuestas. Se presentan los objetivos específicos y las problemáticas propias del PMGCA, situado en una región subtropical con ocurrencia de heladas tempranas. Se detallan las distintas fases de las dos grandes áreas del proceso de mejora: generación de variabilidad genética (a partir de inducción de floración, cruzamientos dirigidos y obtención de poblaciones originales) y selección de genotipos superiores a través de diferentes etapas de selección clonal. Se presentan los últimos logros alcanzados por el PMGCA de la EEAOC.

NUEVOS DESAFÍOS PARA LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CAÑA DE AZÚCAR

Sopena RA. INTA EEA Famaillá – Tucumán, Argentina
e-mail: rasopena@correo.inta.gov.ar

Una de las tecnologías más eficaces para garantizar la competitividad de la agroindustria sucroalcoholera es el desarrollo de nuevos cultivares. La novedad genética apropiada, es una tecnología inclusiva, que puede contribuir a la mejora de la producción de todos los estratos de productores. Los componentes productivos y de calidad sujetos de mejora en caña de azúcar, responden a los objetivos de incrementar la productividad (rendimientos por unidad de área), la calidad de la materia prima a procesar (contenidos sacarinos y valor energético), resistencias a factores bióticos y abióticos incidentes, asociados con la calidad de los productos y la estabilidad de las cosechas. La expansión de la frontera agrícola en regiones no tradicionales y hacia nuevos ambientes, obliga a la necesidad de revisar aspectos de adaptabilidad, estabilidad productiva y riesgos potenciales, derivados del estrés ambiental. Por otra parte, la adop-

ción masiva de nuevas prácticas de manejo genera una modificación en los equilibrios de los sistemas productivos, instalando problemas de susceptibilidad y vulnerabilidad ante plagas y enfermedades. Las demandas de biocombustibles y de generación de energía, utilizando como base la caña de azúcar y los derivados de su biomasa, instala el desafío de replantear nuevos criterios selectivos y proponer otras alternativas en las estrategias del mejoramiento. El uso de disciplinas como la eco fisiología y la biología molecular, deberán acompañar fuertemente los procesos de mejora, sobre la base de esfuerzos conjuntos y enfoques integrados, para lograr un rápido aprovechamiento de los avances que se obtengan en las disciplinas mencionadas.

DEVELOPMENT OF A CHLOROPLAST TRANSFORMATION SYSTEM FOR SUGARCANE

Wayllace N¹; Ruf S²; Serino G¹; Bock R² ¹ Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Salta, Argentina ² Max Planck Institute for Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm, Germany
e-mail: nwayllace@chacraexperimental.org

Increased industrial use of sugarcane (*Saccharum* spp.) for food and bioenergy has led to considerable improvements in its genetic transformation, which allowed the development of not only pest- and herbicide-resistant lines but also lines expressing high-value bioproducts and biopolymers. However, the economic benefits of using inexpensive transgenic plant systems for the production of industrial proteins could be offset by several problems coming from nuclear transformation. The development of technologies to engineer the chloroplast genome opened up the possibility to target transgenes to the plastid genome by chloroplast transformation. These technologies offer a great potential for the biotechnology of the future and a number of most attractive advantages over conventional transgenic plants, such as (1) high levels of transgene expression and foreign protein accumulation; (2) the possibility of expressing multiple transgenes as operons (“transgene stacking”); (3) absence of position effects in plastids; (4) absence of epigenetic effects (gene silencing); and (5) transgene containment (absence of pollen transmission of transgenes). We report here the development of improved *in vitro* culture techniques to maximize regeneration, a protocol for conducting repeated cycles of regeneration under selection, an efficient selection protocols suitable for chloroplast transformation for three suitable

selection agents: streptomycin, kanamycin and geneticin, a complete set of plastid transformation vectors. Finally, a large-scale chloroplast transformation experiments are discussed.

PRODUCCIÓN DE “CAÑA SEMILLA” DE ALTA CALIDAD EN LA EEAOC, AL SERVICIO DEL SECTOR PRODUCTIVO

Perera MF. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITA-NOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Avenida William Cross 3150, Las Talitas, Tucumán, Argentina. CP: T4101XAC.
e-mail: franciscaperera@eeaac.org.ar

En el año 2001, la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) puso en marcha el Proyecto Vitroplantas mediante el cual se producen anualmente alrededor de 100.000 plantines saneados de las principales variedades de caña de azúcar en Tucumán y clones promisorios aportados por el Programa de Mejoramiento Genético de la EEAOC. Estos plantines, o vitroplantas, se obtienen en laboratorio mediante la técnica de cultivo *in vitro* de meristemas y micropropagación. El proyecto consta de tres etapas: 1) micropropagación en laboratorio, 2) crianza y aclimatación en invernadero y 3) multiplicación a campo. La primera etapa se realiza mediante protocolos optimizados para cada genotipo e incluye 4 diferentes etapas: preparación del material vegetal de partida, establecimiento del cultivo *in vitro*, multiplicación y enraizamiento. Posteriormente los plantines son sometidos a un proceso de aclimatación *ex vitro* en invernadero para luego multiplicarlos a campo en 3 diferentes categorías de semilleros (Básico (SB), registrados (SR) y certificados (SC)). La simiente producida se emplea para realizar las plantaciones comerciales. Dentro del proceso es fundamental garantizar el óptimo estado sanitario de los plantines así como su pureza genética. La evaluación sanitaria de las principales enfermedades (raquitismo de la caña soca, escaldadura de la hoja y mosaico de la caña de azúcar) se lleva a cabo en la etapa de multiplicación. La evaluación de la variación somaclonal para asegurar la pureza genética, se realiza mediante el uso de marcadores moleculares en la etapa de aclimatación. La ejecución del proyecto Vitroplantas ha contribuido a solucionar una problemática concreta e importante de la producción como lo es la calidad de la “caña semilla” mejorando notablemente el estado sanitario de los cañaverales de Tucumán.



FOROS

FORO LEGUMBRES

Proyecto Nacional de Legumbres: Una red de investigación Nacional.

Susana García Medina (Ing. Agr.) INTA EEA Salta. Argentina.
e-mail: agarcia@correo.inta.gov.ar

El Proyecto Nacional de Legumbres-2013 tiene el objetivo general de generar y transferir tecnologías para la producción de legumbres, poroto para grano seco y chaucha, garbanzo, arveja y lenteja, con calidad comercial diferenciada, a través de la ampliación de la diversidad genética y de la innovación hacia un manejo sustentable, para mejorar la competitividad con sostenibilidad y equidad social en los territorios. La investigación se enmarca en dos módulos: uno, poroto para grano seco y para chaucha, y otro, legumbres de invierno, garbanzo, arveja y lenteja; con tres objetivos específicos: obtener, evaluar y/o difundir a nivel nacional nuevas líneas y variedades con adaptación a los territorios y tolerancia a factores bióticos y abióticos; desarrollar y difundir tecnologías para el manejo sustentable de los cultivos y técnicas para el control integrado de plagas; y desarrollar y difundir normas de calidad para la producción y procesamiento de granos y la diferenciación para los mercados, tanto interno como de exportación. La estrategia de Investigación y Desarrollo comprende el abordaje de las actividades según módulo, desde varias Unidades de INTA, sus AERs y de Universidades, potenciando las legumbres de invierno en la región Central y Pampeana. Los Proyectos Regionales Territoriales de INTA en Salta, Jujuy, Tucumán, Mendoza, Córdoba, Santa Fe y Entre Ríos articulan para desarrollar y/o aplicar las tecnologías. Las Estaciones Experimentales e Institutos de INTA involucrados son EEA Salta, Yuto, Famaillá, Oliveros, Manfredi; IIAC, IPAVE, IMYZA, IGEAF; UNSa, UNJu, UBA, UNCu, UNC, UNL, UNR, UNNOBA. Todo esto conforma una Red de investigación Nacional con desarrollo y aplicación territorial.

Mejoramiento del cultivo de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Argentina: avances y perspectivas.

Allende M.J. y Carreras J. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.
e-mail: allendemariajose@hotmail.com

En la década del 60 y 70, en la provincia de Córdoba se producían 5000 ha de garbanzo con rendimiento por de-

bajo de la media mundial lo que motivó iniciar el proyecto de mejora del cultivo. El mejoramiento genético se inició con la exploración de la variabilidad existente en la población Saucó donde se efectuó selección y evaluaciones en ECR en Córdoba, Salta y Tucumán. Se obtuvo, en 1991, el cultivar Chañaritos S-156. El cruzamiento entre la línea selecta S-159 y una población Mexicana, por crianza masal y genealógica se logró Norteño. Con la investigación básica y aplicada se generaron numerosas líneas de acción. Mediante el trabajo interdisciplinario se estudiaron factores adversos y benéficos que producen modificaciones en el cultivo como: *Fusarium* sp. e insectos que dañan el grano almacenado, simbiosis con *Rhizobium* sp. y la asociación de insectos parasitoides con insectos que dañan el cultivo. Se está trabajando con líneas endocriadas de la Universidad de Córdoba-España, tipo desi, donde se destacan líneas sobresalientes por rendimiento, arquitectura de cultivo y resistencias a factores bióticos y abióticos. En 2012, en trabajo conjunto con INTA Salta se han inscripto 2 nuevos cultivares Kiara UNC-INTA y Felipe UNC-INTA. Actualmente se cuenta con 12 líneas tipo Mexicano en ECR en etapa de descripción. Con la aparición de *Ascochyta rabie* se gestionó ante ICARDA tres ensayos con resistencia múltiple en germoplasma tipo Kabuli. A partir de este año se inician nuevos proyectos y otros continúan, en conjunto con UNSa, UNC, INTA Cerrillos y Manfredi.

Aportes al mejoramiento genético de Legumbres. Mejoramiento genético en arveja y lenteja.

Sterner I. Ronalb SRL. Álvarez. Argentina.
e-mail: ingrid@ronalb.com.ar

Abordar el mejoramiento de arvejas y lentejas en un Congreso de Genética y en el marco de un foro que reúne a representantes de diferentes sectores vinculados con la producción, requiere que se abarquen tanto los temas propios del manejo genético de las especies, como otros más prácticos que tienen que ver con el entorno actual y regional en el cual se desarrolla la producción.

Por tal motivo se expondrá un repaso rápido de algunas de las técnicas que se aplican para la mejora genética de estos cultivos, se mencionarán los principales logros alcanzados y, por último, se delinearán algunos desafíos que, como comunidad, se deberían encarar si decidimos avanzar en

este tema. Estos desafíos convocan a los profesionales de la genética para que, disponiendo de técnicas tradicionales o modernas, logren los objetivos que los productores y consumidores demandan a estos actores, para que sepan sugerir las mejoras necesarias, y a las autoridades para que impongan un marco regulatorio que incentive el progreso, aliente la inversión en desarrollo de nuevos materiales y estimule el uso de tecnología apropiada.

Mejoramiento Genético de Poroto.

Maggio M.E. INTA EEA Salta.
e-mail: memaggio@correo.inta.gov.ar

El poroto común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una especie nativa de América y constituye la principal fuente de proteínas para la alimentación humana en numerosos países de América Latina y África. La producción en la República Argentina alcanzó un promedio de 333.271 toneladas (2006–2012) siendo su principal destino la exportación. El cultivo se realiza tradicionalmente en el NOA (Noroeste Argentino) con una superficie promedio de 252.068 ha (2001–2013). El 96 % de dicha superficie corresponde a las provincias de Salta y Jujuy. La generación de variedades mejoradas se realiza en la región desde las instituciones públicas vinculadas al sector agropecuario. Los objetivos propuestos en esta disciplina a lo largo del tiempo debieron acompañar el crecimiento del área sembrada hacia zonas agro-climáticas heterogéneas; que determinaron en cada caso la importancia relativa de factores bióticos (plagas y enfermedades) y abióticos (stress hídrico y altas temperaturas) limitantes del cultivo; la adopción de nuevas tecnologías por parte del productor y las cualidades de grano requeridas por los mercados. Nuevos desafíos y nuevas herramientas están disponibles para continuar con esta labor que requiere un enfoque integral que incluye disciplinas relacionadas y complementarias al mejoramiento genético. Generar y mantener ámbitos de interacción continua entre todos los eslabones de la cadena productiva del poroto resultan muy importantes para mejorar la eficiencia en el trabajo y garantizar la utilidad de los resultados alcanzados.

FORO FRUTALES

Desafíos de la Fruticultura Argentina.

Sánchez E. EEA INTA Balcarce. Argentina.
e-mail: esanchez@correo.inta.gov.ar

Nuestro país es un importante productor y exportador de frutas frescas y jugos concentrados. La Fruticultura Argentina, gracias a su diversidad de climas, se extiende de sur a norte y de este a oeste ocupando casi 650.000 ha y produciendo alrededor de 6,6 millones de toneladas. Es el primer exportador mundial de peras y limones. Las cadenas de valor más importantes la ocupan la vid (220.000 ha), los cítricos (150.000 ha), el olivo (95.000 ha) y los frutales de pepita y carozo (50.000 ha cada uno). Ocupa más de 200.000 puestos de trabajo directos existiendo cerca de 15.000 productores de los cuales entre 60 y 70 % son productores familiares. El mercado interno absorbe el 25 % de la producción total de frutas frescas pero solo una parte del excedente se exporta al no reunir atributos de calidad necesarios para competir en un mercado global de superproducción de frutas. Entre los aspectos que frenan el avance de las exportaciones figuran el retraso varietal, aspectos de calidad y sanitarios principalmente los relacionados a las plagas cuarentenarias y también barreras para arancelarias. Las oportunidades para el sector son buenas, de existir políticas que incentiven la renovación de montes y mejoras en la infraestructura de fincas y galpones de empaque. Como debilidad puede mencionarse la escasa organización horizontal y vertical de los productores y la falta de transparencia en la comercialización. En este contexto se discutirán otros aspectos relevantes de nuestra fruticultura y el rol que ocupa el mejoramiento genético a nivel mundial y local para lograr productos más inocuos y de calidad.

Mejoramiento genético del cultivo del nogal.

Prataviera A.G. EEA INTA Catamarca. Argentina.
e-mail: aprataviera@correo.inta.gov.ar

Pertenece a la Familia de las Juglandáceas, el género *Juglans* (2n=32 cromosomas) comprende 21 especies; 17 originarias del continente americano y 4 del asiático. Aunque en distinto grado, todas son interfértiles, como asimismo compatibles para su injertación. De igual modo, todas producen frutos comestibles y son muy valoradas por

la alta calidad de sus maderas. *Juglans regia* L. es la de mayor importancia económica. Originario de las regiones del Cáucaso y del Turkestán, fue cultivado como frutal desde 7.000 años A.C. en la Mesopotamia Persa; luego difundido en la región del mediterráneo por los griegos y romanos, e introducido en el continente americano por los conquistadores españoles. Propagado a partir de semillas (*seedlings*), se fueron seleccionando los ejemplares más sobresalientes. Muchos años transcurrieron hasta que algunos genotipos pudieran ser propagados por injerto, dando lugar así a las variedades cultivadas, tal el caso de Franquette en Francia, cerca de 230 años atrás. Los trabajos de mejora comenzaron en Estados Unidos, primero mediante la introducción de semillas selectas (1867) y luego de vástagos para su injertación (1871). La Universidad de California inicia un programa de mejoramiento (1948) que resultó de lo más trascendente a nivel mundial hasta el momento. Los cruzamientos realizados por Serr y Forde tuvieron como prioridad los rendimientos, seleccionando progenies por número de flores pistiladas, porcentaje de cuaje y brotación tardía. La calidad de la nuez determinada por el tamaño y características de la cáscara, elevado porcentaje de pulpa, color claro y sabor de las mismas, facilidad de pelado, fueron caracteres muy valorados; como asimismo la maduración temprana, el vigor inicial, sanidad y resistencia de los árboles. En Argentina, a partir de 1983 se inicia un proceso de mejoramiento en la EEA Catamarca del INTA, en base al material parental californiano y selecciones locales, lo que trajo aparejado una verdadera transformación de la nogalicultura nacional. Otras especies de nogal también fueron objeto de selecciones y mejoras, entre las que merecen ser destacadas las realizadas sobre *Juglans nigra* L., el nogal negro del este de los Estados Unidos, muy apreciado por su madera y el sabor pronunciado de la nuez.

Olivicultura en Argentina.

Matías A.C., Toro A. EEA-INTA Catamarca. Argentina.
e-mail: matias.angel@inta.gov.ar

Nuestra olivicultura inicia con una pequeña planta en Aimogasta, provincia de La Rioja, y que originó la variedad Arauco, única variedad Argentina. A partir de los 90' la olivicultura mundial inicia transformaciones que llevaron a importantes cambios en los actores mundiales.

El dinamismo adquirido en un sector tradicionalmente estático y poco desarrollado, se dirige a una olivicultura liderada por países que vuelcan sus productos en mercados exigentes a precios competitivos. Argentina resulta ser un nuevo actor de la olivicultura mundial, constituyendo el principal centro de producción fuera del Mediterráneo. Este incremento debido a incentivos gubernamentales fomentando la inversión en el sector agropecuario de capitales a economías regionales relegadas, tuvo impacto por el asentamiento de explotaciones olivíferas en el noroeste del país. Este crecimiento fue acompañado por un desarrollo de la industria extractora de aceite en las provincias de Catamarca, La Rioja y San Juan. El desarrollo de la nueva producción olivícola significó notables diferencias respecto a la tradicional zona mediterránea. Actualmente las principales variedades cultivadas son Arauco, Arbequina, Manzanilla, Picual, Coratina, Frantoio y Barnea y diferentes Instituciones están implementando programas de mejora genética. En este sentido, apostando a una olivicultura sustentable en el NOA la EEA Catamarca ha implantado una colección de 116 variedades para su evaluación y caracterización. Datos del Consejo Oleícola Internacional informan que Argentina cuenta con 90.100 ha distribuidas principalmente en las provincias de Catamarca, La Rioja, San Juan, Mendoza, Córdoba, Buenos Aires y recientemente en Río Negro y San Luis.

Aportes del Mejoramiento Genético a la Producción de Frutales Tropicales.

Aguirre C. INTA- EECT Yuto, Jujuy. Argentina.
e-mail: aguirre.carlos@inta.gob.ar

La fruticultura tropical y subtropical en la región es considerada una actividad de gran importancia y con mayor impacto en las economías regionales del NOA (Salta, Jujuy y Tucumán). Los frutales tropicales se plantean como alternativas productivas a hortalizas y citrus, con el requerimiento de una importante mano de obra durante todo el año por el volumen de crecimiento registrado. La Estación Experimental de Cultivos Tropicales (EECT) Yuto-Jujuy es el único centro del INTA en Argentina, con un importante banco de germoplasma de variedades y portainjertos de frutales tropicales cultivados. Especies comercialmente productivas como: Banano (*Musa* spp.), Palto

(*Persea americana*), Mango (*Mangifera indica*), Papaya (*Carica papaya*), completa sus colecciones otras especies: Maracuya (*Passiflora edulis*), Acerola (*Malpighia emarginata*), Guayaba (*Psidium guayaba*), Chirimoya (*Anona chirimolla*), Carambola (*Averrhoa carambola*), Pitahaya (*Hylocereus undatus*). La actividad del mejoramiento genético es muy dinámico en el mundo de los frutales y mucho más en Argentina donde la base de los materiales de frutales tropicales y subtropicales es limitado, por lo que básicamente se debieron introducir los materiales realizando su evaluación, seguimiento y mantenimiento. Por ejemplo en el cultivo del mango las variedades introducidas como: Tomy atkins, Kent, Keitt y Osteen luego de los estudios fenológicos y productivos fueron liberadas al productor. El portainjerto de mango CA 95 fue seleccionado por la EECT. Otro de los trabajos genéticos desarrollados en Papaya para la obtención de semilla identificada, fue mediante la técnica de polinización controlada.

Mejoramiento genético de los cítricos.

Salas H., Figueroa D. Sección Fruticultura, EEAOC. Tucumán. Argentina.
e-mail: hsalas@eeaoc.org.ar

Los cítricos se producen en Argentina en dos regiones: el Noreste, responsable del 38 % de la producción de cítricos del país, principalmente naranjas y mandarinas; y el Noroeste, que produce el 62 % restante, fundamentalmente limones. Tucumán lidera la producción argentina de limón con 1.300.000 toneladas que representa el 95 % de la producción nacional. Alrededor del 75 % se industrializa para la producción de aceite esencial, jugo concentrado y cáscara deshidratada y el resto se exporta como fruta fresca. El mejoramiento genético de las especies cítricas tuvo una enorme responsabilidad en la evolución de la actividad a lo largo de la historia. A fines del siglo XIX, con la aparición de la Gomosis, las investigaciones permitieron identificar la causa y trazar las estrategias necesarias para superar dicha adversidad. A partir del año 1915, la EEAOC introdujo numerosas variedades de cítricos y entre ellas el mandarino Cleopatra. Alrededor de 1950, otro grave problema sanitario se produjo en las principales zonas productoras de cítricos, la Tristeza o Podredumbre de las raicillas, la cual fue afrontada exitosamente en Argentina mediante el uso de variedades de portainjertos previamente introduci-

dos. En la década del 60 se introdujeron clones nucelares de limonero Eureka Frost y Lisboa Frost de la Universidad de California, como así también portainjertos Volkameriano y citrange Troyer, y otras líneas y clones desde Estados Unidos, Brasil, España, Sudáfrica e Israel. A partir de 1961 la EEAOC inicia el plan de mejoramiento genético de portainjerto, y la evaluación de selecciones locales de limoneros, pomelos y naranjas, obteniéndose híbridos y

Logros en el mejoramiento de la vid. O cómo la genética pudo remediar los efectos del choque entre dos mundos (y cómo lo sigue haciendo...).

Vila H. EEA INTA Mendoza. Argentina.
e-mail: hervila@mendoza.inta.gov.ar

Cuando Cristóbal Colón descubrió América en 1492 nadie podría haber imaginado que el encuentro entre dos grupos de plantas, que se ponían en contacto luego de 12 millones de años de evolución divergente, traería aparejado siglos después una de las peores crisis fitosanitarias de la historia. En 1863 la filoxera penetraba en los viñedos europeos de la mano de vides salvajes de América del Norte. Esto marcó el inicio de una epidemia que provocaría la devastación de 5 millones de hectáreas de vid y el hambre de muchos productores. En ese momento la claridad de científicos como J.E. Planchon permitió salvar la amenaza, al proponer injertar las vides viníferas sobre sus parientes americanas, tolerantes al pulgón. La solución fue tan espectacular que hoy el 90 % de las vides del mundo están injertadas sobre híbridos americanos, que fueron desarrollados al efecto. La crisis puso de manifiesto la pobre resistencia a plagas y enfermedades de *Vitis vinifera*, debido al aislamiento en el que había sobrevivido, luego de la fractura de Laurasia y el posterior enfriamiento global. Sus primos americanos, que habían conservado una mayor diversidad genética y evolucionaron bajo una alta presión de plagas y enfermedades, lograron destacados niveles de resistencia. En el contexto de esta primera globalización, lo mismo que había ocurrido con filoxera se repitió luego y con diversa gravedad con oidio, peronospora, black rot, nemátodos *Xiphinema*, virosis y enfermedad de Pierce. Todas estas plagas se hallaban presentes en las vides americanas sin causar daños, pero puestas en contacto con *Vitis vinifera* provocaban estragos. La solución propuesta por Planchon y los primeros viveristas franceses, de usar a las vides americanas como fuente de resistencia,

marcó el camino a seguir. A fines del siglo XIX se iniciaba una segunda etapa, hibridando vides europeas con especies americanas, para lograr híbridos productores directos, resistentes a oidio y peronospora. La marcada mediocridad de los vinos que produjeron estos híbridos, obtenidos sobre bases muy endebladas de conocimiento, los relegó a regiones marginales. Hoy, sobre conocimientos mucho más sólidos, nos enfrentamos a una nueva revolución genética en la vid, pero sin apartarse del camino que marcaron los pioneros. El primer logro de esta última etapa ha sido romper las barreras biológicas que impedían la hibridación con *Vitis muscadinia* ssp. *rotundifolia*, enorme fuente de resistencias, y luego identificar las bases genéticas de la tolerancia a plagas y enfermedades. Sobre esta base, la selección asistida con marcadores, el retrocruzamiento repetido con *Vitis vinifera* y la transformación genética que se llevan cabo en la actualidad nos ponen en el umbral de una vitivinicultura futurista, más cualitativa y libre de plagas y tóxicos.

Aportes del mejoramiento genético para el desarrollo de variedades de durazno destinadas al consumo en fresco.

Valentini G. INTA, Estación Experimental Agropecuaria San Pedro-San Pedro, Buenos Aires. Argentina.
e-mail: gvalentini@correo.inta.gov.ar

La elección de las variedades condiciona, en gran medida, el éxito comercial de una plantación. Actualmente, existe una alta dinámica varietal que en duraznero es, probablemente, la más notable en comparación con otros frutales. Los programas de mejora muestran una serie de ítems altamente priorizados: adaptabilidad al ambiente incluyendo aspectos como la resistencia al frío, floración tardía y disminución en los requerimientos de frío invernal; extensión de la temporada de producción a través de la incorporación de cultivares tempranos, tardíos y extra tardíos; caracteres de calidad del fruto ligados a la apariencia y atractivo. El INTA ha encarado este tema como una disciplina, con el propósito de asegurar a la fruticultura nacional una evolución propia.

Producto de estas actividades, un número importante de las variedades empleadas comercialmente fueron difundidas a partir de materiales propios e introducidos. En términos generales, los caracteres que se intenta incorporar al espectro varietal que cubre la temporada productiva nacional, comprenden: (1) en nectarinas y duraznos de fecha

de maduración temprana: buen calibre de fruto, carácter prisco, firmeza de pulpa y coloración de la piel rojo brillante, fecha de floración media o tardía; (2) en nectarinas y duraznos de fecha de maduración tardía: 80-100 % de sobre color rojo en la piel y carácter prisco; (3) en duraznos de pulpa blanca: adecuada resistencia a manipuleo y transporte, asociada a alta calidad de fruto y extensión del calendario de oferta. El INTA ha difundido exitosamente, tanto a nivel regional como nacional, más de 300 variedades de *Prunus*.

RECURSOS GENÉTICOS

Germoplasma de poroto del Banco de Conservación de Recursos Fitogenéticos del Noroeste argentino.

Menéndez Sevillano M. del C., Ferreyra M., Ibarra L., Molas M. EEA-INTA-Salta, Argentina.
e-mail: mcese villano@correo.inta.gov.ar

El Banco activo de germoplasma del INTA-Salta integra la Red de Recursos Fitogenéticos del INTA. Se encuentra ubicado en Cerrillos, provincia de Salta (24° 53' S; 65° 28' O, 1240 msnm). El Banco conserva colecciones de semillas de poroto, aromáticas nativas, tomate de árbol, quinoa y tabaco. La colección más importante es la de poroto, la que está constituida por poblaciones silvestres (*Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*) y poblaciones primitivas (*Phaseolus vulgaris*). Este germoplasma contiene una gran variabilidad genética, constituyendo una potencial fuente de genes útiles para los programas de mejoramiento. La forma silvestre del poroto común se encuentra en los valles húmedos de la Cordillera Oriental de los Andes, creciendo entre los 700 y 2600 m de altitud. En los valles altos de esta misma región, aún se cultivan variedades locales que se han mantenido a través de los años en las huertas familiares. Durante más de 20 años se han coleccionado variedades silvestres y primitivas de *Phaseolus* sp. en el Noroeste Argentino, llegando a formar una colección de 700 entradas, de las cuáles, 400 son primitivas y 300 silvestres. Las actividades que se realizan comprenden: colección, introducción e intercambio, regeneración y multiplicación, caracterización, evaluación, conservación, documentación y desarrollo de germoplasma a fin de valorizar las colecciones para su uso en fitomejoramiento.

Wild beans (*Phaseolus vulgaris*): A review of current information and an agenda for research.

Gepts P. University of California. Department of Plant Sciences/MS1. Section of Crop & Ecosystem Sciences. Davis. USA.
e-mail: plgepts@ucdavis.edu

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) was domesticated several thousands of years ago in the Americas from a wild progenitor with a remarkably wide geographic distribution. The distribution stretches from northern Mexico (Chihuahua and Durango) to northwestern Argentina (Córdoba) with gaps corresponding to low-lying areas

such as the Isthmuses of Tehuantepec and Panama and the transitions between Eastern and Western slopes of the Andes in Colombia/Ecuador and Central Peru. Generally, wild beans grow in mountainous habitats but in a wide variety of rainfall distribution types (dry period from 1 to 6 months) and altitudes (from ~ 1000 m to 3000 m). In this presentation, I will review the studies involving wild beans with regard to genetic diversity at the molecular level, gene flow and its effect in shaping genetic diversity across the bean genome, domestication syndrome, the estimated age of divergence between the two major geographic gene pools, and introgression of additional genetic diversity. Molecular marker analyses have shown that two major gene pools exist in wild common bean, one (Mesoamerican) distributed from northern Mexico to northern South America (Colombia, Venezuela), and the other (Andean) from southern Peru to northwestern Argentina. Within these two gene pools, further geographic differentiation can be observed, such as the Mexican, Guatemalan, and Colombian Mesoamerican subpopulations. Although wild and domesticated beans are phenotypically quite distinct, the inheritance of the domestication syndrome is relatively simple because it involves generally a limited number of genes with major effect. Wild populations are conspecific with domesticated beans, leading to the existence of reciprocal gene flow between the two types, but with a three-fold higher level from domesticated to wild in measurements made in Mexico. In spite of this gene flow, wild and domesticated types remain phenotypically distinct, presumably because of selection, either natural in the original wild habitat or by farmers in the field. At the molecular level, the highest levels of divergence between wild and domesticated type is observed around genes controlling the domestication syndrome. In certain regions of the bean genome, not linked to domestication genes, genetic diversity of wild beans is being displaced by the relative monomorphism from the domesticated types. In contrast, farmers use wild bean genetic diversity and gene flow to maintain higher levels of genetic diversity in their fields. Wild beans deserve further emphasis because they provide a better understanding of biotic and abiotic adaptation and sources of additional genetic diversity to improve common bean. Specific topics deserving further attention include a better definition of the concept of local

wild population, the level of “contamination” of wild bean populations by domesticated genes in sympatric *vs.* allopatric populations, correlation between eco-geographic origins and actual tolerance to certain environmental factors, and association between high-throughput markers such as SNPs and phenotypic and adaptation traits.

Recursos fitogenéticos nativos de maíz conservados en el Banco de germoplasma de Pergamino.

Ferrer M.E., Defacio R.D. EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
e-mail: mferrer@pergamino.inta.gov.ar

Durante siglos los agricultores seleccionaron numerosos tipos, razas y variedades de maíz con características diferenciales según su adaptación y uso. En áreas templadas el empleo de híbridos comerciales es mayor que en zonas de clima tropical y subtropical, donde prevalece la utilización de variedades de polinización abierta y variedades locales (variedades nativas o poblaciones locales). El Banco Activo de Germoplasma de maíz de INTA Pergamino (BAP) conserva variedades nativas manteniendo la variabilidad genética del cultivo. En la década de 1980 el BAP inició estudios de caracterización y evaluación de las poblaciones conservadas. Hasta el presente se han evaluado más de 1.200 variedades nativas para distintos fines. Se destaca su participación en el Proyecto Latinoamericano de Maíz a través del cual se evaluaron poblaciones locales para incrementar la productividad y mejorar el comportamiento agronómico de los cultivares mejorados. Conjuntamente con los Programas de Mejoramiento de Maíz de INTA y de Universidades Nacionales se conducen trabajos de evaluación y pre-mejoramiento para la detección de resistencia a enfermedades (Mal de Río Cuarto, fusariosis de espiga, y podredumbre por *Aspergillus*), comportamiento forrajero y calidad diferencial en cuanto a caracteres bioquímicos (proteínas, almidón, amilosa, ácidos grasos, zeínas, extracto etéreo, etc.). Además se están evaluando variedades de las razas Dulce y Pisingallo para generar poblaciones sintéticas destinadas a investigadores y pequeños agricultores. Como resultado de las actividades mencionadas se identificaron poblaciones locales con características

de interés que constituyen aportes fundamentales para los programas de investigación y mejoramiento genético.

Estrategias de empleo de germoplasma nativo en un programa público de mejoramiento de maíz.

Eyhérbide G.¹, López C.², Delucchi C.¹, Lorea R.¹, Presello D.¹, Incógnito S.². ¹EEA Inta Pergamino. ²Facultad de Cs. Agrarias. UNLZ. Argentina.
e-mail: geyherabide@pergamino.inta.gov.ar

La región productiva de maíz es predominantemente pampeana y presenta importantes diferencias ecológicas con la región donde existen elevados niveles de diversidad de ecotipos y formas raciales. Las variedades nativas poseen limitada adaptación a una agricultura comercial, y no hay suficiente conocimiento sobre ellas y su potencialidad como reservorio de variabilidad útil al mejoramiento. Estos factores contribuyen a explicar por qué la atención de los programas de mejoramiento se dirige con mayor frecuencia hacia germoplasma de regiones similares a las de producción, probablemente de mejor comportamiento agronómico y adaptación ecológica de partida. El programa de mejoramiento de maíz del INTA para la región pampeana está llevando a cabo un esquema secuencial de evaluación y de diseño de estrategias de incorporación de variedades nativas. Primeramente se completó la selección por habilidad combinatoria para rendimiento de grano de un grupo de colecciones, las que posteriormente se evaluaron por su potencialidad para proveer alelos no presentes en una serie de híbridos elite tomados como referencia. Se identificaron algunas variedades locales que portarían alelos útiles para el mejoramiento de la productividad, y ciertos cruzamientos entre variedades locales y líneas elite que mostraron mayor estabilidad productiva. Actualmente se encuentran en proceso de mejora varias poblaciones de cría con diferentes proporciones de germoplasma elite y de variedades locales. Los resultados obtenidos son indicativos de que las variedades nativas de maíz constituyen un reservorio de genes útiles, que merecería ser mejor explorado y aprovechado para satisfacer demandas productivas, sanitarias y de calidad del grano.

Uso de los recursos fitogenéticos de maíz en mejoramiento.

Kreff E.D. Pioneer Argentina S.R.L. Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: enrique.kreff@pioneer.com.

La creciente demanda mundial de alimentos y el cambio climático son parte de los factores principales que generan desafíos para el desarrollo de cultivos agrícolas mejorados para los productores agropecuarios. La demanda de alimentos se incrementa debido tanto al crecimiento poblacional como a la producción de biocombustibles y los cambios en los patrones de consumo. Por otro lado, el cambio climático podría generar efectos sobre la producción agrícola debido a modificaciones en los patrones de lluvias y la frecuencia de estreses, el incremento de la temperatura y la concentración de CO₂ así como la interacción de estos factores. Para poder satisfacer esa demanda creciente de los alimentos y los posibles efectos generados por el cambio climático, debemos buscar formas de mejorar la productividad de los cultivos así como la expansión de los mismos a nuevas regiones, y la llegada de manera rápida de los nuevos materiales genéticos mejorados a los productores agrícolas. Anualmente se invierten millones de dólares para descubrir nuevas formas de aumentar la tasa de mejoramiento genético para rendimiento en maíz y su adaptación a múltiples geografías y condiciones ambientales. De esta manera, los agricultores se ven beneficiados por el acceso a los híbridos y variedades de cultivo que ofrecen un mayor potencial de rendimiento y tolerancia a condiciones de estreses bióticos y abióticos. Esto no sólo impacta a los agricultores de maíz en zonas productoras tradicionales, sino también a los de áreas donde existen limitaciones hídricas que afectan la producción y la rentabilidad del cultivo de maíz.

Uso de los recursos fitogenéticos nativos de papa en mejoramiento.

Huarte M. EEA INTA Balcarce, Balcarce. Argentina.

e-mail: huarte.marcelo@inta.gob.ar

La papa es el tercer cultivo alimenticio del mundo y no es fácil de reemplazar su valor en la seguridad alimentaria de las comunidades de bajos recursos a las que el cambio climático afecta en forma significativa. Durante siglos, las especies y variedades nativas de papa han sido localmente

seleccionadas por los agricultores andinos a fin de asegurar su subsistencia en las duras condiciones ambientales de esos valles y quebradas de altura. Estos pequeños agricultores fueron capaces de seleccionar y mantener una alta diversidad de germoplasma mediante el cultivo de mezclas de papas nativas en el mismo campo, con clones de ploidía diferente, variables en madurez, en el nivel de resistencia a las plagas, enfermedades y al estrés y con una calidad organoléptica excelente. Hay pocas tecnologías que tienen un efecto neutro sobre el medio ambiente y el mejoramiento genético es una de ellas. El pre-mejoramiento con especies nativas de papa se realiza con el fin de obtener genotipos superiores con características combinadas o mejoradas. Numerosos cruces entre diferentes especies emparentadas de la papa ya han brindado excelentes resultados en relación a estas limitantes bióticas y abióticas. Subsecuentemente, la estrategia de trabajar en una red internacional de uso y evaluación de los RRGG cubre las necesidades de evaluar material genético muy diverso bajo una variada gama de condiciones ambientales y de brindar la debida robustez a las estadísticas necesarias para el trabajo fisiológico, agronómico y molecular. Más de 200 genotipos son probados rutinariamente en condiciones de laboratorio, invernadero y campo. Se ha definido una "colección núcleo" que incluye genotipos adaptados a día corto y largo, para su uso en todos los experimentos con el fin de dar respuesta a una gama más amplia de situaciones climáticas entre los países del Cono Sur (Argentina, Chile, Uruguay y Brasil). Estas evaluaciones se completan con estudios de diversidad molecular, identificación de regiones cromosómicas y genes candidatos para resistencias bióticas y abióticas, entre otros caracteres. Hasta ahora, el énfasis sobre el Tizón Tardío y la tolerancia a sequía, han sido los principales objetivos pero se han iniciado esfuerzos similares relacionados con la sarna común, los nematodos, el virus PLRV, aspectos relacionados a la calidad culinaria y otras limitantes bióticas que se combinan con los objetivos principales. Se realizará el mapeo genético por asociación de estos caracteres de importancia agronómica con el uso de 8300 SNPs en plataformas del tipo Illumina o Ion Torrent. La diseminación de los genotipos con una mayor capacidad de "buffer" para enfrentar el cambio climático es el resultado esperado de esta investigación, que se podrá aplicar en muchas otras regiones del mundo.

Uso de los grupos cultivados de *Solanum* diploide como puente para la captura de resistencia a *Phytophthora infestans* desde especies silvestres.

Ordoñez B. y Bonierbale M. Genetics and Crop Improvement Global Program. Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú.
e-mail: b.ordonez@cgiar.org

Las especies cultivadas de *Solanum* son consideradas como recursos valiosos del patrimonio genético, ya que representan una fuente importante de nutrición para el poblador andino y de amplia diversidad genética para el desarrollo de nuevas variedades. Además sirven como puente para la introgresión y/o incorporación de genes valiosos de especies silvestres, necesarios para afrontar exitosamente las condiciones agroambientales previstas con el cambio climático. A pesar del valor de los recursos genéticos de *Solanum* para la seguridad alimentaria, son pocos los programas de mejoramiento en los que se siguen estrategias de uso a largo plazo. Los esfuerzos para ampliar la base genética podrían contribuir a aumentar la resistencia, el valor nutritivo, la adaptación y el rendimiento de ésta. Sin embargo, las barreras de cruzabilidad con frecuencia impiden la transferencia de genes valiosos desde especies distantes al pool genético primario. El Centro Internacional de la Papa (CIP) dentro de su estrategia de pre-mejoramiento está utilizando fuentes silvestres diploides de *Solanum* con el propósito de ampliar la base genética de la resistencia al tizón tardío. Se han seleccionado diferentes fuentes que presentan una resistencia novedosa debido a su distancia taxonómica. Como puentes, se utilizaron cultivares diploides que poseen características nutricionales promisorias. A través del rescate de embriones, se ha logrado superar exitosamente las barreras que impedían su cruzabilidad, logrando una población pre-mejorada con características de resistencia y agronómicas promisorias. La transferencia de la nueva resistencia al nivel tetraploide por medio de gametos no reducidos está en camino.

Situación del germoplasma nativo de quínoa (*Chenopodium quinoa*) del Noroeste Argentino.

Andrade A.J.¹, Velásquez B.², Curti R.N.³. ¹INTA, CRSJ-EEA Abra-Pampa, ²FCA-UNJu, ³FCN-UNSa. Argentina.
e-mail: ajandrade@correo.inta.gov.ar

Restos arqueológicos encontrados en la puna catamarqueña corroboran la presencia de quínoa en Argentina

desde hace 3500 años, al igual que los resultados de una caracterización molecular conducido en accesiones nativas; sin embargo, nuestro país no destaca como productor referente entre los países andinos. Razones de orden biológico y antrópico contribuyeron a tal situación. En efecto, nuestra área de cultivo (151 ha proyectadas en 700 al 2013) se extiende en la región noroeste sobre una amplitud significativamente heterogénea de ambientes comprendidos entre 1100 a 3800 msnm, donde el sistema productivo es generalmente manual o con escasa tecnificación y los rendimientos promedio llegan a 1,25 tn/ha. Los esfuerzos nacionales por su rescate y promoción remontan a veinte años con fuerte énfasis desde 2001 a esta parte, el mismo culminó en la posesión de una colecta de germoplasma que suma casi 500 accesiones; 90 de ellas corresponden a material del Noroeste Argentino y 35 fueron caracterizadas por atributos morfológicos, agronómicos y moleculares. La colección constituye una amplia base genética para desarrollar el cultivo y obtener variedades locales mejoradas por resistencia a factores bióticos y abióticos, ambos necesarios para cubrir el desafío productivo del nuevo contexto climático. Los estudios del germoplasma nativo proveyeron un neo-status a nuestro país en materia de biodiversidad de quínoa dentro de la región andina.

Caracterización y evaluación del germoplasma nativo de quínoa del Noroeste Argentino en base a atributos morfológicos y agronómicos.

Curti R.N. Departamento de Producción Vegetal, FA-UBA y CONICET. Cátedra de Diseño Experimental, FCN-UNSa, Sede Regional Sur Metán. Laboratorio de Investigaciones Botánicas (LABIBO-CONICET), FCN-UNSa. Argentina.
e-mail: rcurti@agro.uba.ar

La quínoa es un cultivo autóctono de Sudamérica que ha recibido renovada atención en los últimos años debido a sus excepcionales características nutricionales, amplia adaptabilidad y usos múltiples. En la región andina del Noroeste de Argentina (NOA) la quínoa se cultiva en las ecorregiones de altiplano y valles interandinos, no obstante es actualmente una zona marginal en términos de la importancia local de su cultivo. En años recientes se realizaron colectas de germoplasma en la región en combinación con la recuperación de material mantenido en colecciones de otros países, lo que permitió formar una colección representativa de los distintos ambientes del

NOA donde se cultiva quínoa. Tanto la evaluación de las accesiones colectadas como el estudio de la magnitud y distribución de la variabilidad genética, son requisitos necesarios para conocer el tipo de material genético que se conserva en el banco. La caracterización de 34 accesiones mediante descriptores morfo-fenológicos reveló que el germoplasma es altamente diverso a nivel fenotípico, reflejando variación en el ambiente de origen. Por otro lado, el efecto de interacción genotipo x ambiente fue superior al genotípico en la evaluación de 12 accesiones mediante ensayos comparativos de rendimiento. Los análisis de patrones multivariados definieron dos grupos genotípicos de respuesta contrastante y dos mega-ambientes. Estos resultados sugieren que las futuras investigaciones sobre esta colección deberían contemplar el grado y estructura de la variabilidad genética como también las implicancias de las interacciones genotipo x ambiente para los planes de mejoramiento del cultivo en la región.

Magnitud y estructura de la variabilidad genética del germoplasma de quínoa del Noroeste Argentino y su perspectiva de uso.

Costa Tártara S.M. División Producción vegetal, Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Luján. Buenos Aires, Argentina.
e-mail: sabri81ar@gmail.com

El Noroeste Argentino (NOA) representa un punto extremo en la distribución de lo que se conoce como el complejo Andino de *Chenopodium quinoa* (para diferenciarlo de materiales cultivados a Nivel del Mar, en Chile) y es actualmente una zona marginal en términos de la importancia local de su cultivo. Las accesiones nativas de quínoa se concentran en diferentes ecorregiones: hacia el oeste en la Puna, hacia el este sobre las pendientes de la Cordillera Oriental y en los valles áridos de la Quebrada de Humahuaca y los Valles Calchaquíes. Es una región estrecha, pero climáticamente heterogénea. Durante los últimos años actividades de colecta de germoplasma de quínoa en el NOA dieron lugar a una colección representativa de las diferentes ecorregiones, dando inicio a investigaciones cuyos objetivos se focalizaron en estudiar y comprender la estructura genética y fenotípica del cultivo y compararla con la de otras colecciones de germoplasma de la especie. Se caracterizaron 22 loci SSR en 36 accesiones de quínoa cultivada, 25 de las cuales se caracterizaron también con 17 variables morfo-fenológicos y cuantitativas. Se determinó el nivel de diversidad genética poblacional y en los

diferentes grupos, riqueza alélica, alelos privados, el polimorfismo de los loci analizados y diferentes parámetros poblacionales a partir de la varianza molecular obtenida. Los datos resultantes de ambas caracterizaciones se sometieron a análisis descriptivos y multivariados separados y en conjunto. El objetivo es exponer los avances en la caracterización de germoplasma y su uso en proyectos de desarrollo de germoplasma para la región.

Recursos Genéticos conservados en el Banco de Germoplasma de Hortalizas de la EEA La Consulta, INTA.

Togno L. Banco de Germoplasma de Hortalizas. EEA La Consulta. Mendoza, Argentina.
e-mail: ltogno@laconsulta.inta.gov.ar

El INTA es la única institución a nivel nacional que cuenta con una amplia red de Bancos de Germoplasma distribuidos en todo el país. En conjunto conservan más del 90 % del germoplasma presente en instituciones públicas. Cada Banco de Germoplasma es el encargado de la conservación de un determinado grupo de especies. En la Estación Experimental Agropecuaria La Consulta se encuentra el Banco encargado de la conservación de los Recursos Genéticos Hortícolas. Las colecciones reúnen especies introducidas de interés económico y especies autóctonas de interés actual y potencial. Se conserva germoplasma nacional y extranjero de variedades o cultivares antiguos, líneas avanzadas nacionales y extrajeras de colecciones de trabajo de grupos de mejoramiento y poblaciones primitivas. Desde el año 2005 se realizaron viajes de colectas a diferentes partes del país para incorporar al Banco de Germoplasma muestras donadas por pequeños productores de especies como tomate, pimiento, cebolla, lechuga, zapallo, entre otras. Del análisis de la distribución de las especies se encuentra que es común a la mayoría de las zonas, el cultivo de zapallos y porotos principalmente, variando las otras hortalizas con las características climáticas de la zona. Todas estas variedades pueden ser una fuente importante de material genético para planes de mejoramiento. Además las mismas ya han sido solicitadas por pequeños productores para aumentar la diversidad de sus huertas o recuperar sus propias variedades, luego de perderlas por inclemencias climáticas. Hasta el momento se está realizando un fuerte trabajo para multiplicar y caracterizar esas muestras colectadas, para que las mismas puedan estar disponibles para quien las solicite.

Uso de Recursos Fitogenéticos en el Mejoramiento Genético de Hortalizas en Argentina.

Galmarini C.R. E.E.A. La Consulta, INTA, La Consulta, Mendoza.
Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Chacras de Coria, Mendoza.
Argentina.
e-mail: crgalmarini@mendoza.inta.gov.ar

La horticultura nacional comprende alrededor de 500.000 hectáreas, genera en la producción, la industria y el comercio capitales por más de U\$S 1.100.000 y ocupa alrededor de 10 millones de jornales por año, lo que la transforma en una de las actividades de mayor valor social. Alrededor del 70 % de la semilla que utiliza es importada, aunque esto depende mucho de las especies, en el caso de cebolla y zapallo la mayoría es de origen nacional y aún se exportan semillas a países vecinos. Existe demanda de cultivares hortícolas de buen comportamiento agronómico y calidad organoléptica y nutricional tanto para el mercado en fresco, como para la industria. Hay gran diversidad en los planes de mejoramiento de hortalizas, en algunas especies, como ajo, cebolla, batata, papa, pimiento, poroto, tomate, zapallo y zanahoria hay programas consolidados, mientras que en otras no se ha trabajado con continuidad. La mayor parte de la actividad se concentra en el ámbito estatal, existen pocas empresas semilleras nacionales que lleven planes de mejoramiento en especies hortícolas. Los recursos genéticos de hortalizas en el país se conservan en la red de bancos de germoplasma del INTA. En los últimos años estas colecciones se han ampliado con colecciones de cultivares criollos. Estos recursos fitogenéticos han sido utilizados en forma dispar por los programas de mejora establecidos en el país. En la presentación se describen las estrategias abordadas por programas de mejoramiento de diferentes especies y se proponen acciones para un uso más eficiente.

Los tomates silvestres y cultivados, su uso tradicional y en la búsqueda de metabolitos y genes involucrados en la calidad del fruto.

Peralta I.E. IADIZA-CCT CONICET Mendoza, Mendoza. Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Chacras de Coria, Mendoza. Argentina.
e-mail: iperalta@fca.uncu.edu.ar

El tomate es una de las principales hortalizas por su consumo popular en el mundo. La especie de tomate cultivado al igual que las 12 especies silvestres y otras 4 especies relacionadas, son nativas del oeste de Sudamérica. Estos diferentes acervos genéticos se mantienen *ex situ*. El mejoramiento dentro de la especie cultivada, principalmente para generar líneas puras, redujo su base genética. Los recursos genéticos del centro de origen han sido tradicionalmente utilizados para incorporar resistencias a plagas y enfermedades, tolerancia a factores abióticos, eficiencia en uso de nutrientes, esterilidad del polen, y más recientemente caracteres de calidad del fruto. Una mayor exigencia de los consumidores sobre las cualidades y propiedades nutraceuticas del tomate, hacen que caracteres tales como el aroma, sabor, color, contenido de antioxidantes, sean objetivos de mejoramiento. En nuestro país los productores tradicionales mantienen variedades locales de hortalizas para uso familiar, entre ellas los tomates “criollos” de excelente sabor y color. Recientemente se ha recuperado germoplasma de tomates “criollos” que se conserva en el Banco de la EEA La Consulta INTA. Esta colección diversa, junto con especies silvestres y variedades testigos, ha servido para analizar caracteres morfo-agronómicos, propiedades antioxidantes y organolépticas, metabolitos y patrones de transcripción. El análisis integral, con programas diseñados para bases de datos heterogéneas, permite inferir las vías metabólicas asociadas a las características organolépticas y nutraceuticas de los frutos de tomate. La búsqueda de los genes potencialmente involucrados en esas vías es también posible a través del conocimiento actual del genoma completo del tomate, recursos que hacen de esta especie un modelo para las hortalizas.

FORO CAMÉLIDOS

Los camélidos en la República Argentina.

Rigalt F. EEA INTA Catamarca. Argentina.
e-mail: frigalt@correo.inta.gov.ar

La conferencia presenta información histórica y datos censales de la evolución de las poblaciones de camélidos silvestres, *Lama guanicoe* y *Vicugna vicugna* y domésticos, *Lama glama*, en la República Argentina. Se abordan los distintos sistemas de producción de fibra y carne de llama, las medidas de protección para las especies silvestres y la puesta en marcha de sistemas de manejo desarrollados para las condiciones locales. Se presentan posteriormente las principales características actuales del manejo de la vicuña, tanto en silvestría con sus distintos métodos, módulos fijos y móviles, y en semicautiverio, con los indicadores de productividad, rentabilidad de los sistemas, avances logrados y tendencias. Se presentan gráficos, cuadros e imágenes de distintos métodos y experiencias, entre 1998 y 2012, de arreos, encierre, esquila y liberación de vicuñas en su hábitat natural. Además se tratan las distintas amenazas, distribución de la fibra y vías de comercialización y valor agregado, legales e informales, de la fibra de vicuña.

Estado de Situación de los Camélidos. Estado Plurinacional de Bolivia.

Vila Melo G. Fondo Internacional de Desarrollo Agrícola. Fundación Biodiversidad. Bolivia.
e-mail: gvilamelo@gmail.com

Bolivia es el mayor criador de llamas en el mundo con aproximadamente 3.000.000 de cabezas y el segundo criador de alpacas con 500.000 de cabezas. Estas existencias se localizan en seis de los nueve Departamentos, abarcando más de 100 municipios, casi un tercio de los municipios totales del país. La superficie abarcada es de 153.000 km² superficie con una geografía quebrada y compleja, y localizada a altura de 3600 a 4500 m.s.n.m. El régimen de lluvias varía entre 1000 a 200 mmm (años concentrados desde diciembre a marzo). La amplitud térmica va desde los -30° C a 20° C. Como fuera mencionado en el primer párrafo, las 3 millones de llamas se localizan de norte al sur del país comprendiendo dos ecotipos extremos denominados: Pelada, Carguera o Qh'ara y la Chaku, Lanuda o Th'ampulli. Como así, un sinnúmero de ecotipos intermedios productos de sus permanentes cruzamientos por falta de prácticas de manejo animal y de infraestructura. Las alpacas

se encuentran básicamente en el norte del país, Departamento de La Paz como también en la región del Sajama, Departamento de Oruro y se presentan dos razas: la Suri y la Huacaya. Las principales materias primas comercializadas son las fibras de alpaca con unas 400 tn/año y las fibras de llama con unas 500 tn/año. También se comercializa y consume en el mercado interno alrededor de 14.000 tn/año de carne de llama y de alpaca pero en su mayoría sin los controles bromatológicos necesarios. Se puede mencionar que a raíz de los diferentes trabajos realizados desde la década del 90 el PBI en el rubro camélidos se incrementó desde USD25 MM (1990) a USD 48 MM (2002). Desde que se incorporó el actual gobierno se han creado varias herramientas destinadas a fortalecer la producción agropecuaria las cuales apoyan y valorizan la cría de camélidos y el uso sustentable de vicuñas. Las mismas son: i) Nueva Constitución Política del Estado Plurinacional de Bolivia (2009); ii) el Programa Nacional de Desarrollo (Decreto Supremo N° 29271/06); iii) Ley de la Revolución Productiva Comunitaria Agropecuaria (Ley N° 144/11); iv) Ley de los Derechos de la Madre Tierra (Pachamama) (Ley N° 071/10), y v) Política para el Desarrollo con Identidad del Sector Camélido (2011). En los últimos 20 años se han realizado avances muy relevantes sobre todo en lo que se relaciona a la valoración y transformación de las materias primas en productos finales pero resta un esfuerzo relevante a realizar en el sector primario ya que al presente el desarrollo deficiente y heterogéneo, además de poseer esta cría un Progreso Genético muy lento, para ello es necesario, priorizar la gestión eficiente de los recursos agua, pastos, como también determinar los objetivos de selección, pero lo debemos reflexionar con las comunidades como actores principales de manera tal que se apropien de lo que se plantea implementar.

Situación actual de la crianza de camélidos en el Perú.

Huanca T., Mamani R.H., González M., Cárdenas O., Naveros M.L.
Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA)-Programa Camélidos.
Perú.
e-mail: thuanca@inia.gob.pe

La crianza de camélidos sudamericanos en el Perú esta concentrada en el sur andino, en dos zonas agroecológicas debidamente definidas, Puna húmeda y Puna seca, y

de acuerdo al IV Censo Nacional Agropecuario 2012, se cuenta con 3.592.480 alpacas, notándose un incremento de 46 % en relación al Censo de 1992; sin embargo es notorio el incremento de las alpacas blancas 77,65 %, 12,57 % para los manchados y menos del 2 % para los colores enteros, siendo notorio la disminución de este valioso germoplasma; asimismo, de la evaluación realizada en la región Puno principal productor de camélidos del Perú, de la caracterización de 48.000 alpacas se observa que los animales de calidad súper solamente alcanza al 1 %, categoría "A" 2,4 %, categoría "B" 13,4 % y categoría "C" 54 % respectivamente, dichos resultados demuestran la ausencia de un Programa de Mejoramiento genético a nivel de país a largo plazo, si bien es cierto de que existen algunas experiencias, pero estas son aisladas cuyo impacto no ha sido de lo esperado, ante esta realidad se ha diseñado un Plan de Mejoramiento Genético para la región Puno financiado por el Gobierno Regional con \$. 31 267 219 dólares americanos para implementar 44 Centros de Producción de Reproductores (CPR) en igual número de distritos alpaqueras, esta sería una primera iniciativa a nivel de país que abarque un espacio amplio, además su ejecución comprende 5 años, en ello está comprometido la Universidad de Puno, el INIA, la organización de productores y los gobiernos locales. En llamas y vicuñas los

Criterios de Selección de reproductores -Camélidos Sudamericanos Domésticos- Llama (*Lama glama*).

Carrizo J.E. Santa María. Catamarca.
e-mail: juedca@gmail.com

Descripción general: Biotipo productor doble propósito, denominado Antofalla. Comparación con biotipos productores de fibra, de carne y biotipos intermedios.

Parámetros de selección: descripción detallada de los criterios de selección aplicados en reproductores machos y hembras.

Conformación: parámetros estructurales, balance corporal, aplomos, línea superior. La estructura como parámetro fundamental de funcionalidad.

Producción de fibra: Características del Vellón, tipo de mecha, color de mecha, largo de mecha, finura. Evaluación de cruzamientos para mejora de finura y obtención de colores puros. Clasificación de tipo de manto por color-Patrón pigmentario.

Aptitud para la producción de carne: Peso al nacimiento, ganancia media diaria, características de la canal, calidad de carne.

Selección de reproductores libres de defectos congénitos: ojos zarcos, defectos de aplomos y estructura, orejas motas y malformadas, colas torcidas, prognatismo y egnostimo, polidactilia. Su influencia en la producción y su transmisión de generación en generación.

Parámetros complementarios: caracteres sexuales secundarios, masculinidad y femineidad, inspección de órganos sexuales externos.

Características agroclimáticas de la Puna Argentina y su relación con los parámetros de selección. Rusticidad. Experiencia de mejoramiento genético de la Cabaña KARWAI, perteneciente al gobierno de la Provincia de Catamarca. Registro genealógico, protocolo de certificación de ascendencia y descendencia (ADN).

Mejora genética de llamas en la EEA INTA de Abra Pampa, Argentina.

LAMAS H. EEA INTA de Abra Pampa. Jujuy. Argentina.
e-mail: hlamas@hotmail.com

La provincia de Jujuy concentra la mayor población de llamas de Argentina. Sin embargo, esta población exhibe una alta heterogeneidad de colores y morfotipos variados. A pesar de la importancia económica, ecológica y socio-cultural que representan las llamas para la región, la especie aún continúa exhibiendo un bajo grado de mejoramiento y calidad genética, lo que trae como consecuencia bajos volúmenes de producción y calidad de los productos ofrecidos al mercado generando bajos ingresos. El INTA de Abra Pampa posee un plantel de 800 llamas de las cuales se obtienen reproductores mejorados que son entregados a las comunidades de la Puna de Salta y Jujuy para la mejora de sus planteles generales. Esta población experimental es organizada según grupos de cruzamientos seleccionando la descendencia por color de capa pura, finura y peso de vellón, desarrollo corporal y peso al nacimiento y destete. Los cruzamientos se concentran en 45 días con servicios de 7 días en una relación de un reproductor por cada 25 hembras. Se dispone de potreros para cada grupo. Al nacimiento, las crías son identificadas y pesadas, destinándose a alguno de los tres grupos del esquema: elite, machos para majadas generales y descarte. Se llevan registros detallados para cada servicio. Los animales disponibles para

las majadas generales y descarte se ponen en venta en dos ferias anuales. Paralelamente se realizan ensayos a fin de generar información y validar medidas de manejo. Este proceso se refuerza con talleres de capacitación, cursos y pasantías desarrolladas en la Estación Experimental.

Mejoramiento genético en llamas: caso de pequeños rebaños de la región Pasco, Perú.

Gutiérrez G.¹, Wurzing M.². ¹Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú. ²BOKU-University of Natural Resources and Life Sciences, Austria.

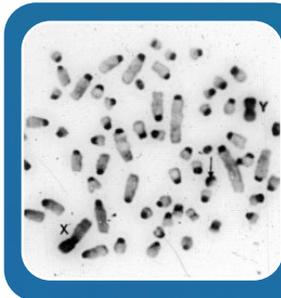
e-mail: gustavogr@lamolina.edu.pe

En la Región Pasco-Perú, se ha descrito el sistema de crianza, identificado las estrategias locales de manejo genético y caracterizado la población de llamas. Se evidenció que el principal objetivo de la crianza de llamas es la producción de carne, siendo el sistema de crianza extensivo basado en el uso de pastizales nativos de propiedad comunal. El rebaño promedio es pequeño y mixto, compuesto por llamas, alpacas y ovinos. Los criadores han percibido que la población de llamas ha disminuido en los últimos 5 años, y que existe una demanda de llamas para exportar a otras regiones del Perú. Por esta razón se ha elaborado una estrategia participativa de mejoramiento genético basada en un esquema de núcleo abierto y disperso. Se ha involucrado en este proceso a la asociación de criadores PROLLAMA, el gobierno regional, Universidad Daniel Alcides Carrión, y la ONG FODESA. Un núcleo disperso en tres rebaños serían localizados en la región y se formarían rebaños multiplicadores con criadores selectos. Los machos serán adquiridos de la región Pasco y Junín; las hembras serán provistas por los criadores de PROLLAMA. El objetivo de selección será el mejorar la eficiencia en la producción de carne, siendo el criterio de selección el peso vivo evaluado en un centro de testaje. El compromiso de los criadores y el mejoramiento de capacidades de los recursos humanos locales son factores claves para el éxito del programa.

Mejoramiento genético en alpacas: Caso de pequeños rebaños de Huancavelica, Perú.

Quispe E.C. Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac. Perú.
e-mail: edgarquispe62@yahoo.com

La población de alpacas en Perú bordea los 3.600.000 y la región de Huancavelica posee alrededor de 300.000 cabezas. En ambos casos la ubicación de estos animales se sitúa en la zona altoandina, teniendo como poseedores en su mayor parte familias pobres. El mejoramiento genético es una buena alternativa para el incremento de producción de fibra y de carne de alpaca, que permitirían la mejora de ingresos de los alpaqueros. Por eso, desde el 2005, considerando que en Huancavelica el tamaño de los rebaños oscila entre 50-150 se dio inicio a un programa de mejoramiento genético teniendo como objetivos la calidad y cantidad de fibra. Para ello previamente se estratificó la población en tres niveles (Núcleo de reproductores, multiplicadores y majada) y luego se seleccionaron las unidades productivas que conformaron el núcleo de reproductores. Asimismo se identificaron los animales, para luego lograr establecer los registros productivos y de genealogía. También se estableció el valor genotípico agregado, considerándose dos objetivos y dos criterios de selección. Para la evaluación genética se utilizó el modelo animal con medidas repetidas, y como no hubo conexión de machos, la evaluación solo arrojó evaluaciones intra-rebaños. Finalmente para la propuesta del esquema de selección más apropiado, se evaluaron seis esquemas de selección considerando un núcleo compuesto por 1500 hembras, planteados en función a la cantidad de machos a utilizar y al tipo de núcleo de reproducción, mediante el progreso genético y consanguinidad. Se concluye que existe buena posibilidad para la mejora genética de la fibra de alpaca.



CA

COMUNICACIONES LIBRES

CITOGENÉTICA ANIMAL

CA 1

ANÁLISIS DEL ESPERMA EUIPIRENO TRANSFERIDO POR *Tuta absoluta* (LEPIDOPTERA) DURANTE LA CÓPULA

Lauría JP¹, LZ Carabajal Paladino¹, C Cagnotti², JL Cladera¹, SN López².
¹Instituto de Genética (IGEAF), INTA Castelar, pcia. de Buenos Aires,
²Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), INTA Castelar, pcia. de Buenos Aires.
e-mail: jplauria@hotmail.com

Tuta absoluta causa graves daños al cultivo de tomate en Sudamérica, Europa y África, generando grandes pérdidas económicas. A fin de obtener información para el desarrollo de la Técnica del Insecto Estéril en esta especie, es necesario analizar la cantidad de esperma eupireno (fértil) transferido durante la cópula tanto por machos salvajes como por estériles irradiados. El esperma eupireno llega a la bursa copulatrix en forma de paquetes conteniendo 256 espermatozoides. Luego, los paquetes se disgregan y los espermatozoides migran hacia la espermateca, donde se almacenan hasta el momento de la fertilización. Este trabajo busca analizar el esperma eupireno en la bursa copulatrix a determinados tiempos de cópula. Para ello se formaron parejas vírgenes, se *freezaron* a las 2 y 3 horas luego de iniciada la cópula, mientras aún estaban unidas, y el resto se almacenó a 20°C luego de su separación. Las bursas copulatrix se disecaron en solución fisiológica para insectos y se analizaron bajo microscopios estereoscópico y óptico de contraste de fases. En las hembras cuya cópula no fue interrumpida, y en las que fueron *freezadas* a las 3 horas, se encontraron espermatozoides sueltos, indicando que la migración del esperma hacia la espermateca comenzaría antes de la separación de la pareja. En las hembras *freezadas* a las 2 horas, se detectaron paquetes de esperma eupireno en el 50 % de los casos. La interrupción de la cópula a las 2 horas permitiría utilizar el conteo de paquetes en lugar de espermatozoides individuales, facilitando el análisis de transferencia de esperma.

CA 2

CROMOSOMAS POLITÉNICOS DE POBLACIONES NATURALES DE *Anastrepha fraterculus* (WIED)

Milla FM, FC Manso, MC Giardini, LZ Carabajal Paladino, JL Cladera. Laboratorio de Insectos de Importancia Económica, Instituto de Genética "E.A. Favret", CNIA, INTA Castelar, Buenos Aires.
e-mail: fmilla@cnia.inta.gov.ar

La mosca sudamericana de la fruta *Anastrepha fraterculus* (WIED) es una plaga frutihortícola presente desde norte de Méjico hasta la región central de Argentina y norte de Chile. La estructura genética de distintas poblaciones de Argentina, principalmente de Entre Ríos y Tucumán, se está analizando con marcadores moleculares. Para profundizar este análisis se estudió la estructura citogenética de poblaciones silvestres de *A. fraterculus* comparando los patrones de bandas de cromosomas politénicos presentes en glándulas salivales, células tricogénicas, túbulos de Malpighi y otros tejidos de dípteros. Se forman mediante replicación cromosómica sin división celular: los cromosomas homólogos permanecen íntimamente apareados y se replican formando estructuras con patrón distintivo de bandas. Dicho patrón es específico de tejido y especie, y ha sido descrito para glándulas salivales en una población de laboratorio de *A. fraterculus*. En este trabajo se estudiaron los cromosomas politénicos de dichas glándulas de individuos provenientes de fruta silvestre de 5 sitios de la localidad de Concordia, Entre Ríos y uno de la localidad de Puerto Yerúa distante a 25 km de las anteriores. En este análisis se observó que todos los individuos de Puerto Yerúa, no presentan en su cromosoma VI la banda diferencial 99 formada por dos bandas interrumpidas que, en el resto del material es notablemente visible. Este resultado denota la importancia y utilidad de los cromosomas politénicos para detección de polimorfismos poblacionales, concordando con lo descrito mediante marcadores microsatélites.

VARIABILIDAD CARIOTÍPICA EN DOS POBLACIONES DE *Doru lineare* (DERMAPTERA, FORFICULIDAE)

Andrada AR¹, G Silenzi Usandivaras¹, M Romero Sueldo¹, G Ruíz de Bigliardo^{1,2}, M Dode¹. ¹Fundación Miguel Lillo. San Miguel de Tucumán. Tucumán. Argentina, ²Facultad de Ciencias Naturales e IML. UNT. San Miguel de Tucumán. Tucumán. Argentina.
e-mail: rubenfml@yahoo.com.ar

Dermaptera es un Orden con amplia distribución, ocupa la región norte de Argentina hasta el sur de Río Negro. *Doru lineare* (Eschscholtz) es depredador de *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera), plaga del maíz en el Noroeste Argentino. Se planteó analizar el cariotipo y comportamiento de la meiosis en dos poblaciones de *Doru lineare* colectadas en Tucumán. Las preparaciones citológicas se obtuvieron de testículos por técnicas citogenéticas estándar. Los ejemplares analizados exhibieron el complemento diploide $2n = 20$, cromosomas holocéntricos y determinación del sexo XX:XY. Una población reveló comportamiento regular de los cromosomas durante la meiosis, sólo cromosomas rezagados en una frecuencia muy baja. La otra población arrojó los siguientes resultados: a) variaciones cariotípicas intraespecíficas: presencia de cromosomas accesorios B, b) polimorfismos numéricos de los cromosomas extras, c) individuos con irregularidades meióticas: asociaciones multivalentes, puentes cromatínicos, cromosomas rezagados, micronúcleos. La permanencia de cromosomas extras durante la división meiótica como univalentes, causaría inestabilidad durante la segregación, con probables efectos sobre la citocinesis. Aunque no se conozcan datos certeros sobre la incidencia de los cromosomas B en la especie estudiada, ellos afectarían en forma indirecta los mecanismos celulares responsables de la división meiótica regular. Existen evidencias de que este tipo de cromosomas están involucrados en desórdenes citológicos y fisiológicos determinantes de cambios endofenotípicos y no exofenotípicos.

LOS NEO-CROMOSOMAS SEXUALES DEL GÉNERO *Aleuas* STÅL 1878 (ACRIDIDAE, COPIOCERINAE)

Acuña FN¹, ER Castillo^{1,2,3}, DA Martí^{1,2}. ¹Laboratorio de Genética Evolutiva, IBS UNaM-CONICET. Félix de Azara 1552- C.P.3300- Posadas-Misiones-Argentina, ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), ³Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica (CEDIT).
e-mail: nahuelacu@gmail.com

Estudios previos indican que las especies del género *Aleuas* presentan neo-sistemas cromosómicos de determinación sexual (neo-SCDS), resultado de una fusión Robertsoniana entre un autosoma (A) y el cromosoma X ancestral. En algunas de ellas, reestructuraciones en el neo-Y produjeron cambios en el Número Fundamental (NF) de sus cariotipos, con el consecuente comportamiento complejo en los apareamientos y la sinapsis durante pro-fase I. Con el objetivo de analizar en detalle su estructura y comportamiento estudiamos los neo-SCDS en cuatro especies del género *Aleuas* mediante técnicas citogenéticas de tinción convencional, bandeado cromosómico diferencial y fluorescente. *A. uruguayensis* presentó una constitución cariológica $2n = 22♂/22♀$, NF= 23/24, donde el par sexual mostró una configuración en forma de "L" en metafase I, característica de un neo-SDCS producto de una fusión X-A sin modificaciones estructurales posteriores. *A. lineatus* exhibió un $2n = 20♂/20♀$, NF= 24/24, donde los neo-cromosomas sexuales (neo-CS) metacéntricos, adoptaron una configuración en forma de "C" en metafase I, por su origen producto de la fusión Rb X-A y de una inversión pericentromérica en el neo-Y. En el mismo estadio *A. vitticollis* y *A. paranensis* presentaron una fórmula cariotípica $2n = 20♂/20♀$, NF= 24/24; ambas especies mostraron comportamiento complejo de sus neo-CS, con posibles rearrreglos adicionales. Discutimos diferentes hipótesis sobre el origen de los neo-SCDS observados en *Aleuas* y planteamos modelos que intentan explicar su actual estructura y evolución independiente.

NEO-CROMOSOMAS SEXUALES DE *Boliviocris noroestensis* (MELANOPLINAE; ACRIDIDAE): ESTADIO EVOLUTIVO

Castillo ERD^{1,2,3}, A Taffarel^{1,2,3}, DA Marti^{1,2}. ¹Laboratorio de Genética Evolutiva. Instituto de Biología Subtropical-Universidad Nacional de Misiones (IBS-UNaM). Félix de Azara 1552. CP3300. Posadas, ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), ³Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica (CEDIT). e-mail: darmarti@yahoo.com.ar

Los neo-cromosomas sexuales (neo-CS) son ejemplos excluyentes de variación cromosómica en Orthoptera, particularmente en especies de melanoplinos sudamericanos, convirtiéndose en modelos adecuados para inferir posibles mecanismos involucrados en la evolución de los neo-CS. En su mayoría, los neo-sistemas cromosómicos de determinación sexual (neo-SCDS) se originan por establecimiento de una fusión Robertsoniana involucrando el cromosoma X ancestral y un par autosómico. A través de técnicas de tinción cromosómica convencional y diferenciales, nuestros resultados indican un grado de diferenciación menor entre los neo-cromosomas sexuales de *Boliviocris noroestensis* ($2n=20/20$ M/H), señalando un origen evolutivo reciente. Sin embargo el modelo de fusión céntrica no logra explicar su génesis, principalmente debido a la reducción del número fundamental ($NF=21/22$). Proponemos dos modelos igualmente probables que explican la formación del neo-SCDS de la especie, a través de rearrreglos complejos; nuestras observaciones y los antecedentes citogenéticos apoyan lo planteado para este grupo. En este contexto creemos que los neo-SCDS establecidos proporcionan algunas ventajas adaptativas a los organismos portadores, o al sexo; cualquiera sea el caso es la fuerza primaria responsable de incrementar su frecuencia en las poblaciones naturales, en contra del sistema de determinación sexual original, sin el detrimento de las fuerzas microevolutivas que también pueden actuar (como la deriva genética en poblaciones pequeñas), al menos, al comienzo de la historia evolutiva de los neo-CS.

CONTRIBUCIÓN CITOGÉNÉTICA AL CONOCIMIENTO DE *Astylus atromaculatus* (COLEOPTERA, MELYRIDAE)

Moreno Ruiz Holgado M², M Dode¹, G Ruiz de Bigliardo^{1,2}, M Romero Sueldo¹, S Caro^{1,2}. ¹Fundación Miguel Lillo. San Miguel de Tucumán. Tucumán. Argentina, ²Facultad de Ciencias Naturales e IML. UNT. San Miguel de Tucumán. Tucumán. Argentina. e-mail: grabigliardo@hotmail.com

Los análisis citogenéticos de la Familia Melyridae (Suborden Polyphaga) son muy escasos y sin registros para Argentina. Estas investigaciones comprende el análisis del cariotipo y el comportamiento de los cromosomas autosómicos y sexuales durante la división meiótica. Las gónadas de los ejemplares machos de *Astylus atromaculatus* (Blanchard) colectados en la provincia de Tucumán fueron sometidas a protocolos citogenéticos convencionales. Los ejemplares analizados exhiben un complemento cromosómico $2n=18$ y una fórmula meiótica $n=8II+Xy_p$. El cariotipo se caracteriza por la presencia de cromosomas autosómicos principalmente metacéntricos, dos pares submetacéntricos, el cromosoma sexual X submetacéntrico de tamaño medio y un pequeño "y" en el cual no se puede identificar la posición centromérica. La pareja sexual heteromórfica con heteropicnosis positiva se asocia tempranamente desde paquinema en profase I. En diacinesis mantiene la tinción diferencial y en metafase I es muy visible el pseudo-bivalente sexual asociado por sus extremos en la típica configuración en paracaídas. Los cromosomas durante la meiosis tienen un comportamiento regular de sinapsis, segregación y formación de espermátidas. El cariotipo haploide predominante en Polyphaga, $n=9II+Xy_p$, es diferente al de *Astylus atromaculatus* pero con idéntico mecanismo de determinación del sexo. La metacentricidad de los cromosomas del complemento habría jugado un rol importante durante la evolución de los cariotipos y las desviaciones del modelo ancestral, como en este caso, estarían justificadas por fusiones céntricas.

CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DEL GRUPO *Odontophrynus americanus* (ANURA: ODONTOPHRYNIDAE)

Filippi SG¹, MO Pereyra², SD Rosset², D Baldo³. ¹Laboratorio de Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, ²CONICET. División Herpetología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", ³Sección Herpetología, Museo de La Plata, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: sabrifilippi@gmail.com

El grupo *Odontophrynus americanus* se distribuye ampliamente en el sur y este de Sudamérica y comprende un complejo de especies diplo-poliploides, con distribuciones alopatricas y extensas áreas de simpatria, morfológicamente similares. Existen discrepancias sobre el origen y el tipo de poliploidía en el grupo en el cual actualmente se reconocen 4 especies nominales mientras que varias poblaciones representan taxones aún no descriptos. En este trabajo caracterizamos citogenéticamente las especies de este grupo y aportamos datos útiles para su estudio citotaxonomico y los orígenes de la poliploidía. Analizamos 240 especímenes de 70 localidades de Argentina y Uruguay, pertenecientes a las 4 especies nominales y a 4 especies innominadas. Obtuvimos suspensiones celulares de médula ósea, intestino y testículo y realizamos tinciones convencionales y bandeos diferenciales. Todas las poblaciones presentan un número básico de 11 cromosomas bibraquiados. *Odontophrynus cordobae*, *O. lavillai*, *O. maisuma*, *O. sp. 1* y *O. sp. 2* tienen un complemento diploide, mientras que *O. americanus*, *O. sp. 3* y *O. sp. 4* resultaron tetraploides. La morfología cromosómica es relativamente uniforme, pero se observan diferencias inter e intraespecíficas en la morfología del par 4, posición de NORs y patrones de Bandas C. Las formas poliploides muestran variaciones geográficas en la posición de las NORs y aparentes zonas de hibridación. Estos resultados demuestran un complejo patrón de evolución cariotípica en el grupo, el cual es discutido en el marco de las recientes hipótesis filogenéticas.

DISOCIACIÓN DEL EJE CROMOSÓMICO DEL X EN EL CUERPO XY DEL ROEDOR *Galea musteloides*

Sciurano RB¹, MI Rahn¹, JC Cavicchia², AJ Solari¹. ¹2da. UA de Biología Celular, Histología, Embriología y Genética, Facultad de Medicina, UBA. CABA, Argentina, ²IHEM, CCT-CONICET, Mendoza, Argentina.
e-mail: asolari@fmed.uba.ar

El complejo sinaptonémico (CS) es una estructura proteínica muy conservada que da el soporte estructural estable en las regiones donde se producen los procesos de sinapsis y recombinación meiótica. El par XY del roedor *G. musteloides* muestra una serie de modificaciones extraordinarias de los ejes proteínicos del CS durante el paquinema. Utilizando técnicas de microscopía electrónica de CS e inmunofluorescencia de proteínas meióticas involucradas en los procesos de sinapsis (SYCP3, SYCP1, SYCE3, SMC3), recombinación (MLH1) y silenciamiento transcripcional (BRCA1 y -H2AX), se demostró que: 1) durante el paquinema temprano, el cuerpo XY tiene características ultraestructurales y proteínicas idénticas a la de otros mamíferos; 2) a partir del paquinema medio, el eje cromosómico del X comienza a engrosarse notablemente, formándose un eje multifilamentoso; más aún, se disocia en dos subelementos axiales: un elemento axial grueso que forma un gran bucle asimétrico y, otro, más delgado que se mantiene formando el CS con el eje del Y; 4) existen dos regiones alternativas de recombinación entre el X y el Y, la más probable se encuentra en la región más próxima a la carioteca; 5) la variante histónica -H2AX, al igual que BRCA1, se localizan en la región del bucle y del segmento diferencial del X, indicando que dichas regiones están silenciadas transcripcionalmente. Este comportamiento extraordinario de los ejes cromosómicos del par XY de *G. musteloides* revela nuevos aspectos y tiene implicaciones sobre la estructura molecular general del complejo sinaptonémico.

MARCADORES CROMOSÓMICOS EVIDENCIAN VARIABILIDAD CARIOTÍPICA EN *Platydoras armatulus* (SILURIFORMES)

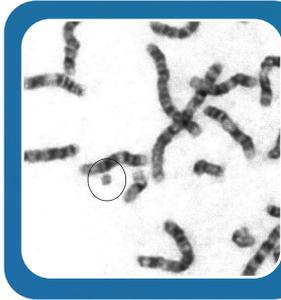
Takagui FH¹, NB Venturelli¹, AC Swarça², AS Fenocchio³, AL Dias¹, LG Caetano¹. ¹Laboratorio de Citogenética Animal, Depto. de Biología Geral, UEL- Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445, Km 380, Caixa Postal 6001, 86051-970, Londrina-PR, Brasil. ²Laboratorio de Histología e Genética, Depto. de Genética, UEL - Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445, Km 380, Caixa Postal 6001, 86051-970, Londrina-PR, Brasil. ³Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias E., Q. y Naturales, Departamento de Genética, Félix de Azara 1552, 3300, Posadas, Misiones, Argentina. e-mail: swarca@uel.br

Los peces de la familia Doradidae son peces endémicos de Sudamérica, importantes ecológica y económicamente. Entre las 90 especies descritas, apenas doce fueron cariotipadas, revelando pequeña variación del número diploide ($2n= 56/58$), regiones organizadoras de nucléolos simples y gran variación en localización y cantidad de heterocromatina. Considerando que solo 20 % de las especies de Doradidae fueran analizadas, el presente estudio pretende caracterizar mediante técnicas citogenéticas clásica y molecular 12 ejemplares de *Platydoras armatulus* aisladas geográficamente. Once fueron colectados en el río Miranda (Corumbá-Brasil) y 1 en el río Paraná (Posadas-Argentina). Presentaron $2n= 58$ ($24m+26sm+4st+4a$). A pesar de poseer una macroestructura conservada, las NORs fueron variables, siendo vistos en algunos ejemplares dos sitios de DNAr 18S y en otros tres cromosomas portadores de RONs. El DNAr 5S ocupa cuatro sitios terminales en el brazo p de cromosomas sm. Fueron identificados bloques heterocromáticos distribuidos en regiones pericentroméricas, terminales e intersticiales, inclusive en las RONs que presentan heterocromatina intercalada con los genes ribosomales. También se observó la presencia de hasta cuatro microcromosomas supranumerarios heterocromáticos. Los análisis muestran que a pesar de que *P. armatulus* posee 58 cromosomas y el patrón de heterocromatina comúnmente relatado entre los Doradidae, puede ser considerada diversificada desde el punto de vista citogenético, ya que hasta el momento es la única con NORs múltiples y cromosomas supranumerarios.

CÍCLIDOS (PERCIFORMES, CICHLIDAE) DE LA CUENCA DEL RÍO URUGUAY: ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO CONVENCIONAL Y MOLECULAR.

Pereira MM¹, AS Fenocchio², FH Takagui³, NB Venturelli³, AC Swarça¹. ¹Laboratorio de Histología e Genética, Depto. de Histología, UEL - Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445, Km 380, Caixa Postal 6001, 86051-970, Londrina-PR, Brasil. ²Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias E., Q. y Naturales, Depto. de Genética, Félix de Azara 1552, 3300, Posadas, Misiones, Argentina. ³Laboratorio de Citogenética Animal, Depto. De Biología Geral, UEL- Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445, Km 380, Caixa Postal 6001, 86051-970, Londrina-PR, Brasil. e-mail: afenocch@fceqyn.unam.edu.ar

El Río Uruguay limita Brasil de Argentina y Uruguay, siendo escasos los datos cariotípicos sobre sus peces. El objetivo de este trabajo es continuar el relevamiento citogenético en peces de la Familia Cichlidae de dos afluentes misioneros del Uruguay, arroyos Chimiray (Azara) y Paraíso (El Soberbio). Fueron analizados *Gymnogeophagus cf. gymnogenys*, *Crenicichla vittata* y *Cichlasoma dimerus* del Chimiray y *Australoherus cf. forquilha* del Paraíso. Las preparaciones fueron obtenidas mediante técnicas directas y teñidas convencionalmente con Giemsa y bandeos C, AgNOR, CMA₃ y DAPI. Todas las especies presentaron $2n= 48$ siendo las fórmulas cariotípicas: *G. cf. gymnogenys* $6m/sm+42st/a$ (NF= 54); *C. vittata* $6m/sm+42st/a$ (NF= 54); *C. dimerus* $4m/sm+44st/a$ (NF= 52) y *A. cf. forquilha* $12m/sm+36st/a$ (NF= 60). Las bandas C en todas las especies se localizaron en regiones pericentroméricas y en constricciones secundarias, característica común entre los cíclidos. Las AgNORs en *G. cf. gymnogenys* involucran tres cromosomas pertenecientes a tres pares st/a distintos, requiriendo estudios más abarcativos para mejor interpretación de los resultados. En *C. dimerus*, *C. vittata* y *A. cf. forquilha* las mismas ocupan los brazos cortos de un solo par. La coloración con CMA3 fue coincidente con las AgNORs en tanto el DAPI mostró ausencia total de fluorescencia en las constricciones secundarias. Los presentes resultados amplían los datos cariotípicos disponibles para cíclidos, siendo descritas por primera vez estas especies del río Uruguay. Serán realizadas nuevas campañas de colecta para ampliar el relevamiento.



CH

COMUNICACIONES LIBRES

CITOGENÉTICA HUMANA

PRESENTACIÓN DE UN CASO DE TRANSLOCACIÓN ENTRE CROMOSOMAS 3 Y 7

Marsá S¹, MJ Guillamondegui², C Della Vedova³, S Siewert³, M Drut⁴, A Brezigar⁵, M Cardetti⁵. ¹GENES, ²Hospital Pediátrico Dr. Humberto Notti, ³Universidad Nacional de San Luis, ⁴Laboratorio de Patología Molecular, ⁵CERHU.

e-mail: smarsa@gmail.com

Nuestro paciente presentaba dismorfias múltiples. Tercer hijo de una pareja no consanguínea. Dos medio hermanos fallecidos con malformaciones múltiples en período neonatal. Padre de 46 años aparentemente sano portador de una aberración cromosómica estructural balanceada entre el cromosoma 3 y el 7, cariotipo 46,XY,t(3;7)(3q29:7q22 7qter;7pter q22)[20]. Madre con cariotipo normal. El propósito presentaba: macrocefalia relativa PC 42,5 (50-75), frente alta, fontanela ligeramente abombada, angioma, facie peculiar, epicanto marcado, hendiduras palpebrales estrechas y orientadas hacia abajo, puente nasal ancho, retrognatia, cuello corto y ancho, pabellones auriculares displásicos, mancha hiperocrómica en tórax, hipertelorismo mamario, manos con dedos ahusados y restricción de la movilidad, escroto con aumento de volumen y pene pequeño, retraso severo de pautas madurativas, agenesia de cuerpo calloso, hipotonía, hipoventilación pulmonar bilateral, granuloma umbilical y taquipnea. El propósito falleció a los 7 meses de edad. El cariotipo fue: 46,XY,der(3)t(3;7)(q29;q11.23)[20] y el FISH para el cromosoma pintado 3 fue: 3q+.ish der(3)(wcp3-)[5], es decir que el material extra que se encontraba en el extremo del brazo largo del cromosoma 3 correspondía a otro cromosoma, que interpretamos corresponda muy probablemente al cromosoma 7. Estudios sugeridos que no fueron realizados: FISH para cromosoma pintado 7 y 3qtel del propósito y cariotipo con bandeado G a los hermanos. El FISH permite confirmar lo observado con bandeado G y lograr una correcta correlación con el fenotipo.

ESPERMATOGÉNESIS FOCAL EUPLOIDE EN UN HOMBRE DISÓMICO PARA EL CROMOSOMA Y

Sciurano RB¹, IM Rahn¹, G Rey Valzacchi², AJ Solari¹. ¹2da. UA Biología Celular, Histología, Embriología y Genética, Facultad de Medicina, UBA. C.A.B.A., Argentina, ²PROCREARTE, Red de Medicina Reproductiva y Molecular. C.A.B.A., Argentina.

e-mail: asolari@fmed.uba.ar

La disomía del Y es una de las aneuploidías cromosómicas más frecuentes en los varones (1/1000 de los recién nacidos). En la mayoría de ellos, el cuadro seminal es normal, dado que el cromosoma sexual adicional sería eliminado en la línea germinal. Sin embargo, en una minoría, hay una oligospermia severa o azoospermia con una configuración mayoritaria YY+X, que conduce a la muerte del espermatozoido I. Los objetivos del presente trabajo fueron: 1) determinar la constitución cromosómica de las células germinales y de las células de Sertoli en un paciente azoospermico con cariotipo 47,XYY e hipotrofia testicular; 2) evaluar el comportamiento de los cromosomas sexuales en los espermatozoidos paquiténicos. Para ello, se realizaron técnicas histológicas de rutina, microscopía electrónica de cortes, extendidos de complejos sinaptonémicos, IFI con anticuerpos meióticos específicos e inmuno-FISH con una sonda de ADN específica para identificar la región Yq12. El diagnóstico histopatológico del paciente evidenció una lesión en focos: 1/3 de los tubos seminíferos presentan espermatogénesis completa con grados variables de desarrollo, y el resto de la biopsia muestra solo células de Sertoli o atrofia hialina total. El análisis de la constitución cromosómica mostró que el 98 % de los espermatozoidos I son euploides, 46,XY; en cambio, las células de Sertoli presentan un mosaicismo cromosómico 47,XYY/46,XY, con el 50 % para cada una de las dos formas. Estos resultados indicarían que existe una selección a favor de la supervivencia de los espermatozoidos I euploides (46,XY).

NIÑA CON ANILLO DEL CROMOSOMA 21 Y DUPLICACIÓN DE LA REGIÓN CRÍTICA DE SÍNDROME DE DOWN

de la Fuente SG¹, AO Laudicina², C Martínez Taibo¹. ¹Programa de Genética Médica, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Pcia de Salta, ²Lexel SRL, División In Vitro, pcia. de Buenos Aires, ³Programa de Genética Médica, Hospital Dr. Arturo Oñativia, pcia de Salta.
e-mail: silviadlfi@hotmail.com

Propósito de sexo femenino, de 17 meses de edad derivada por presentar RMG. Producto de la primera gestación de pareja no consanguínea. E.M.: 20 años, E.P.: 25 años al nacimiento del propósito. Nacida de embarazo de término, controlado, de desarrollo normal. Serología materna negativa. Parto normal. Presentación cefálica. RAM intraparto. P.E. rápido. Llanto inmediato P.N.: 3000gs. Talla: 50 cm. Sin patología neonatal. Caída del cordón: 20 días. R.M.G. Antecedentes Patológicos: CIA. Fisura de paladar blando. Dos internaciones por desnutrición. Estudios Complementarios: Ecodoppler: CIA tipo ostium secundum. Videodeglución: normal. Radioscopia: Reflujo nasofaríngeo por disfunción velopalatina. Laboratorio: Anemia ferropénica. Examen Físico: Peso 8630g. P3-10 Talla: 71.5 cm-2.5DS. Braquicefalia. Hipoplasia medio facial. Hendiduras palpebrales hacia arriba. Epicanthus. Puente nasal chato, columela corta. Fisura de paladar blando. Orejas de implantación baja, conformación normal. Cuello corto. Tórax simétrico. Columna s/p. Abdomen BDI sin visceromegalia. Genitales de acuerdo a edad y sexo. Clinodactilia del quinto dedo. Pliegue palmar en puente. RMG. Hipotonía e hiperlaxitud metacarpofalángica. Examen Citogenético: el estudio cromosómico por Bando G detectó una anomalía estructural 46,XX,r(21)(p13q22). El estudio por FISH usando sonda de pintado cromosómico y RCSD (Live, Lexel inVitro, Buenos Aires) determinó en el anillo la duplicación de la Región Crítica del Síndrome de Down (RCSD): 46,XX,r(21)(p13q22). ish r(21)(p13q22)(wcp21+,RCSD++). Cariotipo materno normal.

ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS ASOCIADAS A LA AMPLIFICACIÓN DE CKS1B Y DELECIÓN DE TP53 EN MIELOMA MÚLTIPLE

Stella F^{1,2}, E Pedrazzini^{1,3}, E Baialardo⁴, I Slavutsky¹. ¹Laboratorio Genética de Neoplasias Linfoides, Instituto de Medicina Experimental, CONICET- Academia Nacional de Medicina de Buenos Aires, ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón, ³Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires., ⁴Centro de Estudios Genéticos, Buenos Aires.
e-mail: fla_stella@yahoo.com.ar

El mieloma múltiple (MM) es una neoplasia de células plasmáticas. Presenta alta frecuencia de anomalías de 1q21, locus del gen CKS1B, crítico en la progresión del ciclo celular. En este análisis se evaluaron alteraciones de 1q y su asociación con la delección de 17p13 (delTP53) en médula ósea de 91 pacientes (48 mujeres; edad media: 61 años; rango: 24-86 años). El estudio fue aprobado por el Comité de Ética Institucional. Se realizó análisis citogenético y FISH con las sondas CKS1B (1q21) y TP53. La supervivencia (SV) se estimó por Kaplan-Meier con el *log-rank* test. El 33 % (30/91) de los pacientes presentaron anomalías cromosómicas, 47 % (14/30) de los cuales mostraron alteraciones del cromosoma 1. En 36 pacientes se evaluó CKS1B: 12 presentaron anomalías del cromosoma 1, 7 otras alteraciones y 17 cariotipo normal, observándose amplificación (ampCKS1B) en el 53 % (19/36); el 25 % presentó además delección de 17p13. En 79 casos se analizó TP53 observándose delección en el 30 %. Se detectó asociación positiva entre cariotipo patológico y delTP53 ($p=0,022$, OR=3,4; IC: 1,3-9,3) y ampCKS1B ($p=0,002$, OR=12,2; IC: 2,5-58,7), así como correlación entre el número de copias de CKS1B y el porcentaje de células con delTP53. La SV fue de 37 meses en los casos con ampCKS1B sola o con delTP53, de 51 meses para delTP53, no alcanzándose la media de SV en los casos sin estas alteraciones. Nuestros datos sustentan que la ampCKS1B constituye un factor de riesgo en MM e indican una fuerte asociación entre anomalías cariotípicas y alteraciones citomoleculares, que favorecería la proliferación tumoral.

ESTERILIDAD MASCULINA: REPORTE DE UN CASO DE TRANSLOCACIÓN T (Y; 2)

Arroyo M¹, S Rozental¹, M Fernández¹, P Granados¹, S Aszpis², A Nagelberg², O Levalle³, G Mercado¹. ¹Centro Nacional de Genética Médica A.N.L.I.S. Dr. E. Castilla, CABA, Argentina. ²Sección Andrología División Endocrinología, Hospital Carlos G. Durand, CABA, Argentina.
e-mail: gnmercado2@yahoo.com.ar

Las anomalías cromosómicas son una de las principales causas de infertilidad masculina, especialmente la trisomía XXY y las translocaciones robertsonianas. Las translocaciones (Y; autosoma) tienen una frecuencia de 1/2000 en la población general. Los portadores pueden ser fértiles o subfértiles debido a alteraciones en el número o la morfología de los espermatozoides. Cuando el rearrreglo involucra la región Yq proximal se asocia a esterilidad y si el punto de ruptura está en la región heterocromática, en general la fertilidad no está afectada. Presentamos un paciente varón, fenotípicamente normal, producto de un embarazo de una hermandad de tres, que fue derivado por azoospermia. Su examen físico presenta talla y contextura adecuadas, ambos testículos de consistencia y volumen normales. Con valores de FSH elevados y testosterona biodisponible disminuida. El estudio citogenético de linfocitos de sangre periférica, reveló un cariotipo 46, X, t(Y; 2) (q11.23; p11.2). ish der(Y)t(Y;2)(q11.23;p11.2) (DYZ3x1). El estudio molecular no reveló microdeleciones AZF. Esta translocación no ha sido encontrada en la literatura. Dado que no se halló deleción en la zona AZF estudiada, postulamos que la azoospermia en este paciente se debería a interrupción de la espermatogénesis por alteraciones en el apareamiento XY y formación de la vesícula sexual. Destacamos el valor del estudio citogenético en pacientes con azoospermia a fin de brindar un adecuado asesoramiento genético previo a los tratamientos de reproducción asistida.

MOSAICISMO Y CROMOSOMA EN ANILLO ASOCIADO A SÍNDROME DE TURNER

Siewert SE¹, SM Marsa², MC Della Vedova¹, S Martinez³. ¹Universidad Nacional de San Luis, ²GENES, San Luis, ³Centro de Salud 1º de Mayo, San Luis.
e-mail: ssiewert@unsl.edu.ar

Se estudió una paciente femenina de 4 años de edad con baja talla y peso (percentil por debajo de 3), asiste al laboratorio de genética con diagnóstico presuntivo de Síndrome de Turner. Edad de la madre 17 años y dos hermanas normales. La paciente presentó al nacer hipoplasia diafragmática, fusión hepato-pulmonar y drenaje venoso pulmonar anómalo. Al mes de vida hizo un distrés respiratorio, al segundo mes una baja de Ferremia. En las siguientes etapas de su crecimiento (desde los 2 a los 4 años) presentó bajo peso, osteopenia y signos de irritabilidad severa. En la evaluación de los 16 meses de vida presentó desarrollo normal, camina y habla. A los dos años de vida se observó cardiopatía congénita, presentando el mismo percentil de peso y talla que en la actualidad. Se evaluaron los antecedentes familiares y se encontró un primo hermano materno con malformaciones del sistema nervioso central. Se procedió a realizar el cariotipo: mos 45,X/46,Xr(X), observándose un 70 % de las células con monosomía del cromosoma X y un 30 % de las células con un cromosoma en anillo. Se solicitó realización de FISH para el centrómero del X el cual todavía no se ha podido realizar por los factores socio-económicos que rodean a la paciente. El médico ha iniciado los trámites necesarios para realizar el tratamiento con hormona de crecimiento. No se establecieron los puntos de fractura del cromosoma X en el anillo observado, pero podría sospecharse que dichos puntos incluyen la región crítica del cromosoma X, explicando así los hallazgos del síndrome de Turner y otras características clínicas.

CONSTITUCIÓN CROMOSÓMICA MEDIANTE FISH EN 2 PACIENTES CON SÍNDROME DE TURNER POR VARIANTES CITOGÉNÉTICAS: r(Y), der(X)

Martínez Taibo C¹, NN Tolaba¹, S Dávila¹, OA Laudicina², SG De la Fuente¹, MP Vilte¹. ¹Programa de Genética Médica, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Provincia de Salta, ²Lexel SRL, División In Vitro, Provincia de Buenos Aires.

e-mail: cmartineztaibo@yahoo.com.ar

El Síndrome de Turner se caracteriza genéticamente por presentar monosomía del cromosoma X (45,X) en individuos fenotípicamente femeninos. Cariotipo presente en el 60 % de los pacientes. El 30 % posee anomalías estructurales del cromosoma X y el 5 % anomalías estructurales del cromosoma Y o mosaicismo con una línea celular XY. La presencia de material del cromosoma Y se detecta en el 5 % mediante citogenética clásica y aumenta al 12 % con técnicas moleculares. Presentamos dos casos donde las variantes cromosómicas fueron identificadas mediante FISH. Caso 1: propósito femenino de 6 años de edad que consulta por presentar baja talla. El estudio cromosómico por Bandeado G detectó un cromosoma en anillo reemplazando a uno de los cromosomas sexuales: mos 46,X,r[25]/45,X[8]. El estudio por FISH permitió definir el origen del anillo, identificándolo como procedente del cromosoma Y ya que resultó positivo para la sonda del gen AZFa localizado pericentroméricamente en el brazo largo del cromosoma Y: mos 46,X,r[25]/45,X[8]. ish r(Y)(AZFa+,DXZ1-). Caso 2: propósito femenino de 18 años que consulta por presentar baja talla (-5DS). El estudio cromosómico por Bandeado G detectó un cariotipo masculino: mos 46,XY[42]/45,X[8]. El estudio por FISH identificó al supuesto cromosoma Y como un derivado del cromosoma X, ya que resultó positivo para la sonda pericentromérica de X: mos 46,X,der(X)[45]/45,X[8]. ish der(X)(DXZ1+,AZFa-). Conclusiones: Se destaca la importancia de determinar la constitución cromosómica correcta para un adecuado asesoramiento genético de riesgo de desarrollar gonadoblastoma.

TUMORES EPITELIOMESQUIMÁTICOS. ESTUDIO DE UNA MUESTRA DE MEDIANTE TÉCNICA DE AgNOR

Ramírez JM, AE Calderon, A Mampel, MI Echeverría. Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas. UNCUIYO.
e-mail: miecheve@fcm.uncu.edu.ar

Los tumores mesenquimáticos son un grupo heterogéneo de lesiones con amplio rango de diferenciación de clasificación aún discutida. Considerando que la citogenética convencional, molecular y NOR son metodologías complementarias que optimizan el diagnóstico de aberraciones cromosómicas y proliferación celular se tuvo como objetivo poner a punto la técnica de NOR en lesiones tumorales frescas y analizar y comparar la actividad proliferativa celular de lesiones epitelio-mesenquimáticas displásicas y cancerígenas. Se procesaron muestras tumorales de pacientes y material de tejido sano que fueron disgregadas mecánicamente y analizadas luego de aplicar técnica directa, cultivo y técnica de explantos. Para la marcación de AgNOR se empleó la técnica de Ploton, luego se realizó impregnación con solución de gelatina y ácido fórmico en agua deionizada, mezclando en una proporción 1:2 con AgNO₃. Se incubaron a 60° C y se lavaron con agua deionizada. Después de breve tinción con Giemsa se analizó el número de gránulos precipitados en núcleos de las muestras. Se analizaron 100 núcleos por paciente clasificando los gránulos según fuesen mayores o menores a cinco, de localización central, periférica o mixta y dispersos o agrupados. Se presentan los resultados y se concluye que las muestras mostraron diferencias en el número de puntos AgNOR por núcleo, su localización y su distribución. La cantidad de puntos AgNOR está relacionado con la síntesis proteica y resulta un parámetro complementario útil de proliferación celular para la distinción entre tejido sano y tumoral benigno y maligno.

LEUCEMIAS AGUDAS EN PACIENTES PEDIÁTRICOS ANALIZADOS EN EL LACYGH-FCEQYN, CONVENIO UNAM-IPS

Brizuela Sanchez MB¹, L Gutiérrez², G Sioli¹, A Rolón¹, A Melnichuk¹, C Argüelles¹, A Fenocchio¹. ¹Laboratorio de Citogenética y Genética Humana (LACyGH), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UnaM) - I. ²Laboratorio de Genética, Instituto de Medicina Experimental (IMEX), CONICET-Academia Nacional de Medicina de Buenos Aires.
e-mail: belen_brizuela15@hotmail.com

Las Leucemias pediátricas son el tipo de cáncer más frecuente en la niñez, caracterizadas por una proliferación maligna de células de la médula ósea. Presentan alteraciones genéticas, gran parte son de carácter cromosómico, encontrándose asociadas a un subtipo morfológico o fenotípico particular. El objetivo del trabajo fue determinar la frecuencia de alteraciones cromosómicas en Leucemias Agudas en pacientes pediátricos analizados entre los años 1993-2012 en el LACyGH, derivados desde el Hospital Provincial de Pediatría e Institutos de salud privados de la provincia de Misiones. El análisis cromosómico se realizó mediante bandeado GTG y los cariotipos fueron descriptos según normas del ISCN 2009. La muestra registró un total de 144 pacientes. 127/144 (88,2 %) casos se trataron de Leucemia Linfoblástica Aguda (LLA) y 17/144 (11,8 %) de Leucemia Mieloblástica Aguda (LMA). El resultado citogenético de cada caso particular fue clasificado como "patológico" si se detectaban alteraciones cromosómicas, o "no patológico" si no se detectaban alteraciones luego del análisis de 20 metafases. En LLA, 31/127 (24,4 %) casos presentaron cariotipos con alteraciones cromosómicas (CCA); 51/127 (40,1 %) no presentaron alteraciones (CSA) y en 45/127 (35,4 %) no fue posible determinar el cariotipo (CND). En LMA, 6/17 (35,2 %) pacientes presentaron CCA; 6/17 (35,2 %) presentaron CSA y en 5/17 (29,4 %) casos CND. Fue posible generar una base de datos y determinar que la frecuencia de alteraciones cromosómicas en las leucemias agudas fue 37/144 (59,7 %) casos, y que la LLA es el tipo de leucemia más frecuente.

TRANSLOCACIÓN RECÍPROCA (7;21) EN NIÑA PORTADORA DE RETARDO MENTAL Y DISMORFIAS

Torres E, S Rodríguez, N Monjagata, M Herreros, S Fernández, R Samaniego. Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud.
e-mail: elo_torres@yahoo.com.ar

Las aberraciones cromosómicas son variaciones, que pueden afectar tanto el número como la estructura del cromosoma. Están asociadas a la aparición de enfermedades hereditarias, siendo una causa importante de retraso mental y defectos congénitos, se observan entre el 0,3 % y 1 % de los nacidos vivos. Las translocaciones son reordenamientos cromosómicos estructurales, comunes y en general balanceados y se definen como el paso de material genético de un cromosoma a otro; se clasifican en translocaciones recíprocas y robertsonianas, las primeras implican una ruptura en al menos dos cromosomas no homólogos, con intercambio de material y generalmente el número permanece inalterable. La incidencia global de las translocaciones recíprocas en la población general es aproximadamente de 1 en 500, pueden ser familiares o aparecer *de novo*, en general no sobrellevan ningún problema clínico al portador. Se presenta el caso de una niña de 6 años de edad que consultó por retardo mental, microcefalia y dismorfias. Se le realizó el estudio citogenético a través del cultivo de sangre periférica por las técnicas de Hungerford y Caspersson. Se analizaron 30 metafases en la paciente, observándose en todas ellas una translocación recíproca entre el brazo corto del cromosoma 7 y el brazo largo del cromosoma 21. Cariotipo de la niña: 46,XX,t(7;21)(p13;q21). Si bien se describe que un portador de una translocación recíproca puede ser asintomático, nuestra paciente manifiesta un fenotipo anormal debido a que podría ser el producto de la alteración de un gen en el sitio de rompimiento.

LEUCEMIA PROMIELOCÍTICA AGUDA, REPORTE DE 2 CASOS DE PACIENTES CON TRANSLOCACION 15;17

Fernández S, E Torres, S Rodriguez, N Monjagata, E Estigarribia. Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud. e-mail: silvifernandezm@hotmail.com

La leucemia promielocítica aguda (LPA) es uno de los subtipos más frecuentes entre las leucemias mieloides agudas. Esta enfermedad constituye el subtipo M3 en la clasificación FAB de las leucemias mieloides agudas, se caracteriza por la acumulación de promielocitos anormales en la médula ósea y la translocación entre los cromosomas 15 y 17, $t(15;17)(q22;q21)$ lo que resulta en la fusión del gen de la leucemia promielocítica (PML) y el gen del receptor del ácido trans-retinoico alfa (RAR) que tiene como resultado la formación del gen híbrido PML-RARa. Esta leucemia es de buen pronóstico, con restablecimiento en la mayoría de los pacientes que acceden al tratamiento rápidamente. Se reportan los casos de dos adultos, uno de sexo masculino y otro de sexo femenino, con diagnóstico presuntivo clínico de LPA, portadores de la translocación mencionada. Para el estudio citogenético se cultivaron células de medula ósea en cultivos especiales, para la obtención del cariotipo se analizaron 15 metafases en cada paciente, con el fin de identificar y obtener un porcentaje de aparición del rearrreglo. El cariotipo reveló el siguiente resultado, Caso 1: 46, XY/46, XY, $t(15;17)$ (36 %); Caso 2: 46, XX, $t(15;17)$ (100 %). Este tipo de leucemia tiene hoy en día un tratamiento específico y efectivo por lo que es muy importante realizar un diagnóstico rápido y preciso, mediante la confirmación de aparición de la $t(15;17)$ utilizando técnicas de citogenética; pudiendo observar además otras anomalías cromosómicas complementarias que derivarían en un cariotipo complejo afectando el estado del paciente.

ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS ESTRUCTURALES: REVISIÓN DE 11 AÑOS DEL HOSPITAL DE NIÑOS DE CÓRDOBA

Chaves A, A Sturich, L Levrero, C Montes, N Rossi. División Genética Médica. Hospital de Niños de Córdoba. e-mail: alejandrachaves2002@yahoo.com.ar

Las anomalías cromosómicas constituyen uno de los principales diagnósticos en pacientes asistidos en los servicios de Genética. Se analiza la casuística de anomalías cromosómicas estructurales y sitio frágil X q27.3, de la División de Genética Médica del Hospital de Niños de Córdoba, entre los años 2002–2012. Se trata de un estudio prospectivo, observacional, descriptivo. Las variables analizadas fueron: sexo, grupo étnico, clínica y heredabilidad. Se realizaron 2983 cariotipos. Se diagnosticaron un total de 320 (11,06 %) cariotipos anormales, de ellos 119 (37,18 %) presentaron anomalías estructurales y X frágil. Sexo: 63 mujeres y 56 varones. Grupos étnicos: 0–2 años: 31, 2–15 años: 43, mayores de 15 años: 4. X Frágil: 40, Deleción 15q13: 4, Turner: 10, Trisomía 21: 5, Deleción 4p: 1, Deleción 7q: 1, pacientes con retraso del desarrollo o fallo de crecimiento o dismorfias o malformaciones: 58. Anomalías cromosómicas encontradas: traslocaciones: 29, duplicaciones: 6, deleciones: 26, inversiones: 8, Isocromosomas: 8, anillos cromosómicos: 2, sitio frágil Xq27.3: 40. De los pacientes con anomalías estructurales, excluyendo X frágil y Turner, se estudiaron 33 progenitores, 14 resultaron portadores de anomalía cromosómica. La citogenética constituye una herramienta de gran utilidad en el diagnóstico de patología genética, y debe ser realizada en pacientes que consultan por retraso en el crecimiento y desarrollo, dismorfias, malformaciones, antecedentes genealógicos y fallo reproductivo.

CH 13

DELECIÓN SUBTELOMÉRICA 17P RESULTADO DE UNA INVERSIÓN PERICÉNTRICA P13.3Q25.1 DE ORIGEN PATERNO

Casali B¹, A Laudicina³, MC Fernández², A Boywitt¹, R De Bellis¹, C Arberas², G del Rey¹. ¹Centro de Investigaciones Endocrinológicas-CEDIE "Dr. César Bergadá"-CONICET-FEL. División de Endocrinología Hospital de Niños Dr. Ricardo Gutiérrez, ²Sección de Genética. Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez", ³Lexel SRL, Division in vitro. Buenos Aires. Argentina.
e-mail: bcasali@cedie.org.ar

Las deleciones distales 17p13.3 resultan con más frecuencia en Síndrome de Miller-Diecker (SMD) y eventualmente en lisencefalia aislada (gen PFAFH1B1 o LIS1). Pocos son los casos descritos de deleciones subteloméricas 17p, fenotípicamente presentan baja talla, retardo mental y epilepsia. El objetivo del trabajo es presentar una niña RN quién consultó por fenotipo peculiar, cuello corto y ancho con piel sobrante cuyo cariotipo reveló material adicional en el brazo corto del cromosoma 17. Producto de la segunda gesta de pareja joven no consanguínea. Embarazo controlado, RNT (40sem), sin antecedentes perinatólogicos. PN: 2850g, talla 47cm, Pc 33cm. Al examen físico presentó: microcefalia, frente amplia, nariz con puente deprimido, base ancha y punta redonda, paladar hendido, micrognatia. Orejas bajas y rotadas, cuello con piel sobrante y baja implantación del pelo. Estudios citogenéticos de alta resolución evidenciaron un cariotipo 46,XX,add(17)(p13.3). Cariotipo paterno: 46,XY,inv(17)(p13.3q25.1). Debido a que la anomalía cromosómica involucraba la banda 17p13.3 se realizaron estudios citogenéticos moleculares (FISH) con tres sondas: 1) sonda SMD/STM 17qter, 2) STM 17p/17q y 3) sonda SMD+ STM 17pter/17qter. Los estudios citogenéticos moleculares evidenciaron en el propósito una deleción subtelomérica 17pter sin comprometer la región SMD y duplicación 17q25.5-qter. La afectada presentó algunas características clínicas compatibles al SMD y duplicación 17q25.1.



CV

COMUNICACIONES LIBRES

CITOGENÉTICA VEGETAL

CV 1

CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE CUATRO ESPECIES DE *Larnax* (SOLANACEAE)

Deanna R^{1,2}, GE Barboza^{1,2}, M Scaldaferro^{1,3}. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), ²Facultad de Ciencias Químicas (UNC), ³Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (UNC).

e-mail: rociodeanna@gmail.com

Larnax Miers (Solanaceae) es un género neotropical de ca. 32 especies, cuyas relaciones infra y supragenéricas son confusas. A causa de esto y asociado a la descripción de nuevas especies, surgió la necesidad de abordar estudios multidisciplinarios con el objeto de dilucidar la real identidad de sus integrantes. Dado que características citogenéticas han establecido afinidades entre especies en otros géneros de Solanaceae y el escaso conocimiento citogenético en *Larnax*, se presenta el análisis de los cariotipos de *L. glabra* (Standl.) N. W. Sawyer, *L. sp. nov. 1* (Orozco *et al.* 3890), *L. sp. nov. 2* (Orozco *et al.* 3942, 3949) y *L. sp. nov. 3* (Orozco *et al.* 3983). Para ello, se realizó tinción clásica, tinción triple fluorescente CDD, bandeado C-DAPI y tinción con nitrato de plata (AgNOR). Todas las especies poseen $2n=24$, heterocromatina neutra centromérica, intersticial y terminal, y heterocromatina rica en GC terminal. Los cariotipos están conformados por $9m + 3sm$, excepto *L. glabra* con $10m + 2sm$, cuyo cariotipo presentó la mayor asimetría y 2 regiones organizadoras nucleolares (NOR), mostrándose diferente a las otras 3 especies con un cariotipo más simétrico y una única NOR. *L. sp. nov. 3* mostró la mayor cantidad de heterocromatina, continuada por *L. sp. nov. 1*, ambas con bandeado CMA⁰/DAPI⁺. En contraposición, *L. glabra* y *L. sp. nov. 2* presentaron menor cantidad de heterocromatina, sin bandeado CMA⁰/DAPI⁺. Los resultados analizados estadísticamente establecieron diferencias claras entre las 4 especies, apoyando las evidencias obtenidas del estudio de caracteres morfoanatómicos.

CV 2

CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO CITOGENÉTICO DE *Clematis montevidensis* VAR. *montevidensis* (RANUNCULACEAE)

Paez VA, AR Andrada, GE Ruiz de Bigliardo. ¹Fundación Miguel Lillo. e-mail: paezvaleria@hotmail.com

La Familia Ranunculaceae, se caracteriza por una diversidad morfológica y ecológica de las especies que contiene. Citogenéticamente se organizó en dos grupos en base al tamaño cromosómico y número básico. El tipo T es portador de cromosomas pequeños y $n=7, 8$ u 13 , mientras que el tipo R exhibe cromosomas largos, grandes y $n=8$. En este último grupo se incluye a *Clematis* L. En el género se reconoce entre 250 y 300 especies en regiones templadas y frías. En el Noroeste Argentino habitan 2 especies nativas: *Clematis montevidensis* y *C. haenkeana* siendo *C. montevidensis* var. *montevidensis* el taxón más difundido y abundante. El objetivo del presente trabajo es el de caracterizar citogenéticamente *C. montevidensis* var. *montevidensis* en cuanto al complemento cromosómico, comportamiento durante la división mitótica, meiótica y viabilidad del polen, de lo que no se dispone de antecedentes del género en el NOA. La población colectada en el Dpto. Trancas, Tucumán, fue sometida a técnicas citogenéticas convencionales de tratamiento, fijación y coloración para el estudio citológico. *Clematis montevidensis* var. *montevidensis* es diploide con $2n=16$ cromosomas y fórmula cariotípica de $5m + 1st + 2t$, con satélite en un par t. El análisis meiótico puso de manifiesto 8 bivalentes en diacinesis e irregularidades en ambas etapas de la división. La viabilidad del polen alcanzó el 81 %. El número cromosómico y cariotipo observado concuerda con los antecedentes del género. La uniformidad en el género es destacable dada la diversidad morfológica y la amplia distribución de las especies.

ANÁLISIS DE LOS PATRONES DE BANDAS CMA/DAPI Y DE LOCI RIBOSOMALES EN DIPLOIDES DE *Turnera sidoides* L

Roggero Luque JM¹, JG Seijo^{1,2}, VG Solís Neffa^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE).
e-mail: juanma_rl@yahoo.com.ar

Turnera sidoides ($x=7$) es un complejo autopoliploide de hierbas alógamas perennes. Cuenta con 5 subespecies y 7 morfotipos en los que se detectaron diferentes niveles de ploidía, desde $2x$ hasta $8x$. Las subespecies presentan fórmulas cariotípicas básicas diferentes que se mantienen independientemente del nivel de ploidía. A fin de inferir los procesos de diferenciación cromosómica ocurridos durante la diversificación del complejo, en este trabajo se extienden los análisis citogenéticos aplicando bandeo cromosómico CMA/DAPI a 3 subespecies de *T. sidoides* y la localización de ADNr 45S y 5S por FISH a los morfotipos *pampeano* y *serrano* de la subsp. *pinnatifida*. La subespecie *carnea* mostró 6 bandas CMA⁺/DAPI⁻ mientras que la subespecie *holosericea* sólo mostró 2 bandas, todas ellas coincidentes con los loci 45S ADNr detectados previamente. Los morfotipos de la subsp. *pinnatifida* mostraron 4 loci 45S (2 intersticiales y 2 terminales), y 2 loci 5S terminales y 4 bandas CMA⁺/DAPI⁻ que se correspondieron con los loci 45S. El morfotipo *andino* de la subespecie *pinnatifida* mostró 6 bandas CMA⁺/DAPI⁻, dos de ellas no se correspondieron con loci de ADNr. Las diferencias en los patrones de bandas heterocromáticas y de genes ribosomales detectados entre las diferentes subespecies y algunos morfotipos evidencian que los cambios cromosómicos estructurales habrían participado o acompañado la evolución del complejo *T. sidoides* a nivel diploide.

CARACTERIZACIÓN CROMOSÓMICA DE LAS ESPECIES CON $X=9$ DEL GÉNERO *Arachis* (LEGUMINOSAE) POR BANDEO C

Silvestri MC¹, AM Ortiz¹, GI Lavia^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, ²Facultad de Ciencias Exactas Naturales y Agrimensura, Corrientes.
e-mail: celestesilvestri@gmail.com

El género *Arachis* está compuesto por 80 especies, la mayoría presentan número cromosómico básico $x=10$ y sólo cuatro especies $x=9$, tres pertenecientes a la sección *Arachis* (*A. decora*, *A. palustris* y *A. praecox*), y una a la sección *Erectoides* (*A. porphyrocalyx*). Las relaciones genéticas entre estas especies con el resto del género han sido evaluadas por diversos estudios citogenéticos y moleculares con el objetivo de esclarecer el origen del $x=9$ en el género. En el marco de estos estudios comparativos, en este trabajo se analizaron las regiones de heterocromatina constitutiva utilizando la técnica de bandeo C en las cuatro especies con $x=9$, con el objetivo de ampliar el número de marcadores cromosómicos que contribuyan a su caracterización genómica. Las cuatro especies analizadas presentaron bandas C+ pericentroméricas en siete (*A. palustris*, *A. porphyrocalyx*) u ocho pares cromosómicos (*A. decora*, *A. praecox*), en el par satelitado no se observaron bandas en ninguna de las cuatro especies. Además, se distinguieron un par de bandas intercalares en el cromosoma 6 en *A. praecox* y un par de bandas conspicuas en posición distal/terminal en un par metacéntrico de *A. porphyrocalyx*. Los resultados mostraron que las cuatro especies analizadas presentaron un patrón de bandeo similar. Por otra parte, el patrón de bandas C en su mayoría coincide con el patrón de bandas DAPI+ (resultados de trabajos propios anteriores), lo cual indicaría que la heterocromatina constitutiva en estas especies está formada por regiones ricas en AT.

BANDEO DAPI-CMA3 EN LA SECCIÓN NOTOSOLEN (*Andropogon*, GRAMINEAE) EN EL CONO SUR DE SUDAMÉRICA

Hidalgo MIM¹, EJ Greizerstein², GA Norrmann¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias-UNNE; Instituto Botánica del Nordeste (IBONE), Corrientes (3400) Argentina, ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ, Llavallol (1836), Argentina.
e-mail: mapyhidalgo@hotmail.com

La sección Notosolen Stapf, del género *Andropogon* L. representada en el cono sur de Sudamérica por 3 especies 6x: *A. exaratus* Hack., *A. glaucophyllus* Ros., Arr. & Iza. y *A. barretoii* Norr. & Quarín, probablemente relacionadas filogenéticamente con *A. gayanus* 4x africano de la misma sección. En este trabajo aplicamos la técnica de bandeo DAPI/CMA3 para revelar la cantidad, distribución y composición de regiones heterocromáticas en *A. barretoii*, *A. exaratus*, *A. gayanus* y *A. gyrans* (sección Leptopogon) técnica que se aplica por primera vez en estas especies y para esta sección. *A. gyrans* posee 20 cromosomas meta-céntricos con bandas centroméricas DAPI+/CMA3- y 4 bandas teloméricas CMA3+/DAPI- en 2 pares. De los 40 cromosomas de *A. gayanus* aproximadamente la mitad presentan bandas CMA+/DAPI+ en 1 brazo del cromosoma, algunas incluyendo el centrómero; un par con bandas centroméricas CMA3+/ DAPI y 1 con bandas teloméricas CMA3+/ DAPI-. *A. exaratus* presentó bandas centroméricas DAPI+/CMA3+ en 20 cromosomas. Por último la mayoría de los 60 cromosomas de *A. barretoii* presentan bandas teloméricas DAPI+/CMA3+ las cuales en 3 pares se encuentran en ambos telómeros mientras que en la mayoría se las encuentran en uno de ellos; un par muestra una banda telomérica DAPI+/CMA3-, un par bandas teloméricas DAPI+/CMA3- para un brazo, presentando también 5 pares que no muestran bandas. Los resultados obtenidos indican la existencia de variaciones en número, localización y composición de heterocromatina entre las especies, lo cual podría ser una herramienta útil para inferir relaciones genómicas entre las especies.

ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN ESPECIES DE LA TRIBU VERNONIEAE (ASTERACEAE) MEDIANTE BANDEO DAPI / CMA3

Riva AM, CG López, EJ Greizerstein. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Ruta 4 Km 2 Llavallol (1836) pcia. de Buenos Aires.
e-mail: adriana_riva@yahoo.com.ar

La tribu Vernonieae Cass. constituye uno de los grupos más grandes y complejos dentro de la Familia Asteraceae. La clasificación de sus 1700 especies es motivo de discrepancia en materia de taxonomía. Con la finalidad de realizar una caracterización citogenética de algunas de estas especies se realizaron estudios de localización y composición de regiones heterocromáticas en cuatro especies sudamericanas. Para ello se utilizó la técnica de bandeo DAPI/CMA3, que revela regiones ricas en AT y GC respectivamente. Se observó que *Vernonanthura nudiflora* (Less.) H. Rob. presenta $2n= 34$ cromosomas y que dos de ellos poseen bandas DAPI-/ CMA3+ conspicuas, mientras que el resto de los cromosomas no muestra bandas heterocromáticas. Por su parte, *Vernonanthura montevidensis* (Spreng.) H. Rob. presentó $2n= 34$ cromosomas, de los cuales un par exhibe una banda centromérica DAPI+/CAM3+ y un par una banda telomérica DAPI-/CMA3+. *Chrysolaena cognata* (Less.) Dematt. $2n= 26$ presentó 11 pares de cromosomas con bandas DAPI+/ CMA3- con localización telomérica y/o intercalar, un par con bandas DAPI+/ CMA3+ y un par DAPI-/CMA3+. Por último, *Chrysolaena flexuosa* (Sims) H. Rob. $2n=$ ca. 60 mostró 6 bandas DAPI-/ CMA3+ provenientes de tres pares de cromosomas. Los resultados obtenidos indican la existencia de variaciones en número, localización y composición de heterocromatina entre las especies analizadas, lo cual podría ser una herramienta útil en la caracterización taxonómica de las mismas.

ESTUDIO CITOGENÉTICO EN EL GÉNERO MONOTÍPICO *Stetsonia* (CACTACEAE)

Bauk K, ML Las Peñas. IMBIV-CONICET-UNC.
e-mail: laulaspenas@yahoo.com.ar

Cactaceae es considerada un grupo monofilético, existiendo en Argentina 36 géneros y 225 especies. *Stetsonia* es monotípico incluyendo la única especie *Stetsonia coryne* (Salm-Dyck) Britton y Rose. Se distribuye en los desiertos bajos del noroeste de Argentina, Bolivia, Paraguay; siendo común en ambientes de llanura y montaña, encontrándose hasta los 1000 msnm. La planta es de porte arborecente. Actualmente se la incluye en la subfamilia Cactoideae y todavía es incierta su relación filogenética con otros géneros presentes en Argentina. Existen estudios citogenéticos en ésta familia, pero hasta el momento no se había caracterizado a la especie monotípica *S. coryne*. Con el objeto de caracterizar citotaxonómicamente a *S. coryne*, se analizaron poblaciones utilizando tinción clásica, bandeado CMA/DAPI y FISH con sondas 18-5,8-26S y 5S. La especie presentó un número cromosómico somático $2n=22$ con una fórmula cariotípica de 11 *m*, simétrico. Los cromosomas fueron pequeños. Con la técnica de bandeado cromosómico fluorescente se identificó una banda CMA⁺/DAPI asociada a NORs que se co-localizó con el sitio del gen ribosómico 18-5,8-26S detectado con la técnica de FISH. El gen 5S se localizó en el par cromosómico 10 en la región pericentromérica. El porcentaje de heterocromatina fue de 3,33 % del total de genoma haploide. Los datos cromosómicos de esta especie presentan características únicas que la diferencian de las otras especies de Cactaceae estudiadas, apoyando su estatus de género monotípico.

ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN *Grindelia* (ASTEREA, ASTERACEAE)

Stiefkens, L¹, N Moreno^{1,3}, ML Las Peñas^{1,3}, A Bartoli², RD Tortosa^{2,3}, G Bernardello^{1,3}. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET, Casilla 495, Córdoba, Argentina, ²Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Av. San Martín 4453, 1417 Buenos Aires, Argentina, ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. e-mail: laurastiefkens@yahoo.com.ar

Grindelia es un género disyunto, 41 especies viven en América del Norte y 26 habitan en el Cono Sur, de las cuales 21 especies con 5 variedades se encuentran en Argentina. El número básico del género es $x=6$ siendo en su mayoría recuentos de especies norteamericanas. Se realizaron estudios citogenéticos en 6 taxones pertenecientes al género *Grindelia* sudamericanas y un híbrido hipotético, utilizando tinción clásica, bandeado CMA/DAPI y FISH con sondas 18-5,8-26S y 5S con el objeto de caracterizarlos citotaxonómicamente. *Grindelia buphthalmoides*, *G. chilensis*, *G. globularifolia*, *G. orientalis* y *G. pulchella* resultaron diploides ($2n=12$), *G. anethifolia* y *G. chilensis* tetraploides ($2n=24$) y *G. ventanensis* hexaploide ($2n=36$). Las fórmulas cariotípicas de las 5 especies diploides fueron variables presentando cromosomas *m* y *sm*, el satélite siempre se encontró en el brazo corto del tercer par *m*. En todos los taxones se evidenciaron bandas CMA⁺/DAPI asociadas a NORs siendo éstas el único tipo de heterocromatina. El número de pares de bandas se corresponde con el nivel de ploidía. Los loci ribosómicos fueron asinténicos, el número y posición del 18-5,8-26S se co-localiza con las bandas encontradas con la técnica de bandeado. Los sitios 5S son paracentroméricos, se localizan en el brazo corto de un cromosoma *m* y su número se corresponde con el nivel de ploidía. Los datos cromosómicos obtenidos confirman el número básico para el género y la combinación de los caracteres citogenéticos nos permite identificar los taxones estudiados.

CV 9

DISTRIBUCIÓN CROMOSÓMICA DE ADN_r EN POBLACIONES ANTÁRTICAS DE *Deschampsia antarctica* (POACEAE)

González ML, J Chiapella, JD Urdampilleta. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal.

e-mail: mlauragonzalez23@gmail.com

Deschampsia antarctica E. Desv es una de las dos especies de traqueófitas nativas de la Antártida y su distribución abarca hasta el sur de Mendoza. Estudios genéticos permitirán comprender la evolución de la especie, así como la base de mecanismos de adaptación a condiciones extremas, baja temperatura y alta radiación UV. Las características citogenéticas han sido poco estudiadas y resultan una herramienta importante en la comprensión de la estructura genómica. El objetivo de este trabajo es contribuir al conocimiento cariotípico de poblaciones antárticas de *D. antarctica*, que puedan servir como base a futuros estudios con individuos de las poblaciones continentales. A tal fin, se estudiaron ejemplares colectados en el Sector Antártico Argentino, empleando técnicas citogenéticas clásicas y moleculares (FISH). Las poblaciones analizadas presentaron $2n=26$ y cariotipos relativamente asimétricos, con cromosomas “m”, “sm”, “st” y “t”. La técnica de FISH reveló 2 pares de sitios de ADN_r 18-5,8-26S: Uno “mayor” sobre la región terminal del brazo corto de un par de cromosomas “sm”, y otro “menor”, en regiones pericentroméricas de un par “m”. Además, se encontraron entre 8 y 10 sitios de ADN_r 5S, en distintas posiciones y tipos de cromosomas. Las variaciones de los sitios de ADN_r podrían representar polimorfismos dentro de la especie, que deben ser esclarecidos con estudios más incluyentes. Finalmente, se destaca la contribución de este tipo de análisis citogenético como herramienta en la caracterización de especies y dilucidación de la historia evolutiva del género *Deschampsia*.

CV 10

ANORMALIDADES MEIÓTICAS EN ESPECIES NATIVAS DEL GÉNERO *Bromus* (SECC. *Ceratochloa*) DE LA ARGENTINA

Leofanti GA, EL Camadro¹, MM Echeverría, SI Alonso. Facultad de Cs.

Agrarias UNMdP.¹FCA, UNMdP; EEA Balcarce, INTA; CONICET

e-mail: gabrielaleofanti@gmail.com

El género *Bromus* reúne varias especies de clima templado, algunas de gran valor forrajero. Las especies y variedades botánicas *Bromus catharticus* var. *catharticus* y var. *rupestris*, *B. bonariensis*, *B. parodii* y *B. coloratus* (Secc. *Ceratochloa*, $2n=6x=42$), que crecen de manera espontánea en diversos ambientes de la Argentina y se reproducen por semillas y macollos, tienen flores predominantemente cleistógamas. Por eso es de esperar que posean alta fertilidad debido a una meiosis regular. Sin embargo, al estudiar la viabilidad del polen en un genotipo por introducción de cada una de las especies/variedades previamente mencionadas del Banco de Germoplasma del INTA Balcarce (BAL), se encontró variabilidad en tamaño ($n=1-38\%$) y en morfología y tinción ($25-93\%$; $\bar{x}=72,4$). Para estudiar la meiosis, se fijaron botones florales en etanol 98°: ácido acético glacial (3:1, v/v), que se colorearon con carmín acético. En todos ellos se observaron meiocitos normales y meiocitos anormales (11,9-44,5 % según el genotipo), con cromosomas fuera de placa en metafase I y II; cromosomas rezagados en anafase II y telofase I y II; asincronía cromosómica en anafase II; asincronía entre las células de la segunda división; disposición anormal de los planos de división en metafase II y, en el estadio de tétrada, díadas, tríadas y tétradas anormales. Dado que estos materiales pueden producir flores chasmógamas durante parte del ciclo, las anomalías observadas en polen y meiosis pueden deberse a un posible origen híbrido de las poblaciones conservadas en el BAL.

APTITUDES AGRONÓMICAS Y COMPOSICIÓN GENÓMICA DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS TRIGENÉRICAS

Ferreira, A¹, E Grassi¹, H di Santo¹, E Castillo¹, V Ferreira¹, L Poggio².

¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto,

²IEGEBBA-CONICET y LACyE (EGE, FCEN, UBA).

e-mail: aferreira@ayv.unrc.edu.ar

Las *Triticeae* constituyen una fuente de combinaciones híbridas de interés agronómico y útiles para analizar las relaciones filogenéticas. El nombre vulgar Tricepiro designa las combinaciones trigenéricas derivadas del cruzamiento entre triticales (*Triticum x Secale*) y trigopiros (*Triticum x Thinopyrum*). Se analizó el comportamiento agronómico y la constitución genómica de dos tricepiros obtenidos en la UN Río Cuarto. Las líneas derivan de cruza entre triticales 6x (AABBRR) y los trigopiros 8x Don Noé (AABBDDJJ) y MAGNIF 106 ('Horovitz'). Ambas líneas se incluyeron durante siete años en ensayos regionales realizados en Río Cuarto, Córdoba, y Santa Rosa, La Pampa. Los análisis de aptitud agronómica y de la interacción genotipo-ambiente permitieron definir que las líneas resultan aptas para uso forrajero. Los estudios citogenéticos se efectuaron a través de métodos convencionales y de GISH-FISH. Las líneas presentan 21II en diacinesis ($2n=6x=42$), I y II fuera de placa en metafase I, cromosomas rezagados en anafase I y II, y microsporas con micronúcleos. La constitución genómica revelada mediante GISH es AABBRR. Sin embargo, la segregación a campo sugiere cierta introgresión de "agropiro". Los resultados coinciden con estudios previos en otros tricepiros que demuestran que estos híbridos tienden a estabilizarse en 42 cromosomas con retención del genomio R e introgresión de "agropiro" en algunos cromosomas de trigo. Las líneas estudiadas muestran una estabilidad productiva, citológica y genómica compatible con su registro como nuevos cultivares forrajeros.

COMPOSICIÓN GENÓMICA Y COMPORTAMIENTO MEIÓTICO EN TRITICALES DE UN PROGRAMA DE MEJORA

Ferreira A¹, E Grassi¹, H di Santo¹, E Castillo¹, V Ferreira¹, L Poggio².

¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto,

²IEGEBBA-CONICET y LACyE (EGE, FCEN, UBA).

e-mail: aferreira@ayv.unrc.edu.ar

El triticales es un cultivo destinado a la alimentación humana y animal. El objetivo del presente trabajo fue estudiar el número cromosómico, comportamiento meiótico y composición genómica de las líneas C95/88, Quiñé RA-UNRC y Genú HA-UNRC. Las líneas fueron mejoradas para pastoreo directo y producción de grano forrajero mediante métodos convencionales y están en condiciones de registrarse como cultivares. Sobre células mitóticas de Quiñé RA y Genú HA se realizó hibridación *in situ* con ADN genómico total de centeno (GISH) bloqueado con trigo y pSc 119.2 de centeno, ambos marcados con biotina y/o digoxigenina revelados con Cy3/FITC. Esta técnica permitió revelar $2n=6x=42$ cromosomas y la presencia de los 14 cromosomas del genoma R. Las líneas presentaron débil señal de hibridación en varias zonas DAPI positivas de los cromosomas de genoma R, sugiriendo que el centeno componente de las mismas difiere del empleado como sonda en la composición de las secuencias subteloméricas. Las meiosis se estudiaron en CMP fijadas en 3:1 teñidas con carmín acético férrico. Se observaron 21 II en diacinesis ($2n=6x=42$) y, en baja frecuencia 1-6 univalentes fuera de placa y bivalentes mal orientados. En anafase I se registraron ca. 40 % de díadas con cromosomas rezagados y micronúcleos en alrededor de 20 % de las microsporas. Los datos citogenéticos complementan los morfológico-agronómicos y contribuyen a la caracterización de las líneas a registrar.

CV 13

VARIABILIDAD EN EL NÚMERO DE KNOBS EN MAÍCES ANDINOS ARGENTINOS (RAZAS AMARILLO GRANDE Y GARRAPATA)

Fourastié MF, MF Realini, L Poggio, GE González. IEGEBA-CONICET y LACyE (Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires).
e-mail: florenciafou@yahoo.com.ar

El maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) presenta bloques heterocromáticos denominados *knobs* que varían en número, tamaño y posición entre distintas razas y que pueden detectarse mediante bandeos cromosómicos. Con el objeto de analizar estadísticamente la variación en el número de knobs de seis poblaciones, cultivadas a distintas altitudes en Jujuy (Argentina), de las razas Amarillo Grande (2000, 2020 y 2755 msnm) y Garrapata (2192, 2780 y 2795 msnm) se realizaron bandeos DAPI sobre metafases mitóticas y núcleos interfásicos. Con los resultados obtenidos de los 150 individuos estudiados (25 por cada población y al menos 20 células por individuo) se realizó un análisis de la varianza (ANOVA) con anidamiento completo para modelos lineales mixtos. Si bien, no se detectaron diferencias significativas en el número de knobs entre las razas estudiadas ($F_{1; 2} = 0,47$; $p = 0,53$), sí se encontraron diferencias significativas entre las poblaciones cultivadas a distintas altitudes (IC: 0,462; 4,892) en ambas razas. Además, se observó una disminución significativa del número de knobs en las poblaciones cultivadas a mayores altitudes respecto de aquellas cultivadas a bajas altitudes, en concordancia con datos obtenidos por otros autores, para otras poblaciones de maíz. Estos resultados se discuten en relación a las diferencias en la altitud de cultivo de cada población. Este estudio citogenético en razas argentinas de maíz contribuye al conocimiento de la variabilidad genética de estos materiales nativos.

CV 14

IDENTIFICACIÓN CITOGENÉTICA DE TRES RAZAS DE MAÍZ DEL NORESTE ARGENTINO (NEA)

Realini MF, L Poggio, GE González. IEGEBA-CONICET y LACyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
e-mail: mr_flor@hotmail.com

En todas las especies de *Zea* con $2n = 20$, los *knobs* fueron descriptos como bloques heterocromáticos compuestos por dos secuencias altamente repetidos en *tándem* (180-pb y 350-pb). Estos varían en número, tamaño, posición cromosómica y composición de secuencias en distintas razas de maíz y de sus parientes silvestres. *Zea* presenta variación intra e interespecífica en el tamaño del genoma, esta variación se debería fundamentalmente a diferencias en el porcentaje de heterocromatina, la cual se encuentra principalmente conformando a los *knobs*. En este trabajo se presentan las fórmulas cariotípicas, los índices de asimetría, la posición y la composición de secuencia de los *knobs* de tres razas de maíz nativas del noreste argentino (NEA): Tupí Amarillo, Pororó chico y Rosado. Se aplicaron las técnicas de bandedo DAPI y de Hibridación *in situ* Fluorescente (FISH), se calculó el porcentaje de heterocromatina y se estimó la asimetría de cada cariotipo, utilizando los parámetros numéricos A1, A2, CVCI y CVCL. El contenido de ADN se estimó mediante citometría de flujo con yoduro de propidio. Las razas presentaron diferencias en el contenido de ADN, así como también en los índices de asimetría, los porcentajes de heterocromatina, el número, tamaño, posición y composición de secuencias de los *knobs*. El análisis de los parámetros cariotípicos permitió elaborar los idiogramas correspondientes para la identificación citogenética de las razas estudiadas de maíz.

EL COMPLEJO POLIPLÓIDE *Zephyranthes mesochloa* (AMARYLLIDACEAE)

Zappani LLE, Honfi AI, JR Daviña

Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal. Instituto de Biología Subtropical (IBS, UNaM-CONICET). Posadas, Misiones, Argentina.

e-mail: leandrozappani@gmail.com

Zephyranthes mesochloa se distribuye en Paraguay, Uruguay, Norte y Centro de Argentina y Sur de Brasil. Existen diferentes citotipos para esta especie, diploides, poliploides e incluso aneuploides. El objetivo del presente trabajo es analizar la distribución citogeográfica de *Z. mesochloa*. Se contaron los cromosomas en raíces pretratadas con 8-hidroxiquinoleína 0,002M durante 8 horas, fijadas en fijador Farmer y coloreadas con técnica de Feulgen. Se analizaron 9 poblaciones, una de la localidad del tipo de la especie (Asunción, Paraguay) y ocho de Argentina. Cinco poblaciones presentaron el citotipo $2n=2x=12$. Dos poblaciones, distanciadas geográficamente entre sí, presentaron la condición diploide y a la vez polimorfismo para la presencia de un cromosoma adicional pequeño por la presencia de individuos aneuploides ($2n=2x=13$). En las poblaciones restantes todos los individuos estudiados resultaron autotetraploides ($2n=4x=24$). 77 % de las poblaciones son diploides y las restantes tetraploides. Las variaciones polimórficas para un cromosoma adicional representan el 28,6 % de las poblaciones diploides. La distribución geográfica de los citotipos $2x$ y $4x$ es discontinua y hasta el momento no se han encontrado combinaciones simpátricas o adyacentes. Tampoco se hallaron citotipos con ploidía impar. El aislamiento geográfico y la multiplicación vegetativa mediante bulbillos facilitan el establecimiento de las variantes cromosómicas. Los datos disponibles permiten considerar al conjunto de citotipos encontrados como constituyentes de un complejo poliploide con número básico $x=6$.

ESTUDIO MEIÓTICO EN TRES POBLACIONES NATURALES DE *Lathyrus macrostachys* VOG. (LEGUMINOSAE)

Scarpín J, L Chalup, G Robledo, JG Seijo. Instituto de Botánica del Nordeste.

e-mail: seijo@agr.unne.edu.ar

Las especies de *Notolathyrus* se caracterizan por poseer un $2n=2x=14$ y una marcada estabilidad en las fórmulas cariotípicas, aunque se ha observado la ocurrencia de diversas aberraciones cromosómicas en meiosis. En este trabajo se analiza la meiosis en tres poblaciones naturales de *L. macrostachys* (Virasoro, Garruchos y Zaimán) con el fin de investigar cuali y cuantitativamente la ocurrencia de las irregularidades meióticas y su influencia en la viabilidad de polen. Para cada población se registraron las irregularidades presentes en todas las fases de la meiosis, se calculó el índice meiótico y estimó la viabilidad del polen. En la meiosis se observó una gran variedad de aberraciones meióticas en las tres poblaciones; las más frecuentes fueron cromosomas fuera de placa, puentes con y sin fragmento y asincronía en la segregación. Se observaron esporadas aberrantes con 1-4 micromicrosporas y otras con microsporas colapsadas o no reducidas. El análisis del polen mostró microgramos, macrogranos y polen colapsado. El índice meiótico varió entre 0,79 y 0,98 y la viabilidad de polen entre 41,04 y 98,3 %. La población Zaimán fue la que presentó mayor diversidad y porcentaje de irregularidades meióticas en todas las fases analizadas, el menor índice meiótico y la menor viabilidad del polen, mientras que las otras dos poblaciones presentaron un comportamiento más normal. Estos resultados sugieren que a pesar de la ocurrencia de numerosas irregularidades meióticas, existe ortoselección cariotípica que mantiene la estabilidad cariotípica de la especie.

HETEROCROMATINA EN *Paspalum plicatulum* MICHX (POACEAE)

Honfi AI, JR Daviña. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (IBS-UNaM-CONICET). Posadas, Misiones, Argentina.
e-mail: ahonfi@gmail.com

Paspalum plicatulum especie de interés forrajero de amplia distribución americana, posee diploides ($2n=2x=20$), tetraploides ($2n=4x=40$) y raros hexaploides. Los $2x$ se reconocen por sus matas cespitosas densamente pilosas y recientemente encontramos tetraploides densamente pilosas. Para elaborar el mapa citogenómico de *P. plicatulum* se describe el cariotipo, distribución y tipo de heterocromatina constitutiva. Se estudiaron los cromosomas mitóticos del tetraploide (H1533) comparativamente con el diploide (H14), ambos depositados en MNES. Se aplicaron técnicas clásicas y moleculares mediante el uso secuencial de CMA/DA/DAPI y AgNOR. Se identificaron dos citotipos tetraploides, $2n=40$ y $2n=40+1$, cuyo cariotipo está compuesto por $36m+4sm$ y $37m+4sm$ cromosomas, respectivamente. La fórmula cariotípica de $9m+1sm$ propia de los diploides se presenta por cuadruplicado y el cromosoma adicional es un cromosoma pequeño (m) sin similitud al complemento estándar. En el brazo corto del par cromosómico sm del $2x$ se encuentra una banda rica en GC (CMA+DAPI-). También el par cromosómico con satélite presenta una banda pequeña CMA+DAPI-. El citotipo $2n=40$, posee 4 cromosomas metacéntricos pequeños con satélite lábil ricos en GC (CMA+DAPI-) y en ocasiones 1-2 de ellos presenta (CMA+DAPI0). El cromosoma adicional carece de heterocromatina rica en GC o AT y tampoco porta una región NOR. Las regiones NOR activas son 4 y se ubican en 2 cromosomas m pequeños y en 2 sm . La heterocromatina constitutiva encontrada en *P. plicatulum* es rica en GC y tiene un patrón de localización de bloques de tipo conservado.

CITOGENÓMICA Y POLIMORFISMO EN *Habranthus chacoensis* (AMARYLLIDACEAE)

Daviña JR, AI Honfi. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (IBS, UNaM -CONICET). Posadas, Misiones, Argentina.
e-mail: juliordavina@gmail.com

Las poblaciones de *Habranthus chacoensis* Ravenna se encuentran principalmente en la provincia fitogeográfica chaqueña y se caracterizan por sus flores carmín de uso ornamental. Pertenecen al grupo de especies con número básico $x=6$, que es el más frecuente en el género y el que presenta mayor cantidad de poliploides y aneuploides. Se analizó una población chaqueña cuyos ejemplares están depositados en el herbario MNES. Se aplicaron técnicas clásicas y moleculares mediante el uso secuencial de CMA/DA/DAPI. La población analizada presentó individuos con distintos números cromosómicos, debido a la presencia de cromosomas adicionales. Se encontraron individuos con $2n=2x=12$ ($6m+4sm+2st$), $2n=2x=12+1$ ($6m+4sm+2st+1m$) y $2n=2x=12+2$ ($6m+4sm+2st+2m$). En todos los casos, se trata de un solo tipo de cromosoma adicional (m , $5,014\mu m$) que resulta ser el menor de todo el complemento y que puede presentarse en 0-2 dosis/genoma. El tamaño genómico entre individuos varía de $130,56\mu m$, $162,97\mu m$ hasta $16618\mu m$, respectivamente. La heterocromatina rica en GC se encuentra en el par $4sm$, en 1 o 2 cromosomas y la cantidad varía de 0,63 a 0,73 % del genoma. La región heterocromática observada es CMA+DAPI-, y se ubica en el brazo corto portador del satélite. El cromosoma adicional no presenta similitud morfológica ni de tamaño con el set estándar de cromosomas y se discuten sus posibles orígenes. Esta población, presenta condición polimórfica para la presencia de cromosomas adicionales.

CARACTERIZACIÓN CROMOSÓMICA DE *Adesmia muricata* VAR. *dentata* (PAPILIONOIDEAE, FABACEAE)

Caro MS^{1,2}, GM Silenzi Usandivaras¹. ¹Fundación Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, Tucumán, Argentina, ²Fac. de Cs. Naturales e IML, Miguel Lillo 205, Tucumán, Argentina.
e-mail: saracaro_27@hotmail.com

Adesmia DC. es un género sudamericano con 240 especies, la mayoría distribuida en regiones montañosas, áridas y semiáridas de nuestro país. Los estudios citogenéticos en el género son escasos, no hay antecedentes cariológicos para las especies del noroeste argentino. *Adesmia muricata* (Jacq.) DC. var. *dentata* (Lag.) es una especie herbácea, inermes, con folíolos dentados y lomentos péndulo; potencialmente considerada una forrajera nativa. Es la más difundida en Tucumán y Salta, crece en lechos de ríos y pedregales (900-3000 msnm). El objetivo del trabajo es dar a conocer por primera vez las características cromosómicas de la especie, a los fines de contribuir al conocimiento citogenético del género. Para el estudio de células somáticas se empleó técnicas convencionales. El análisis mitótico se realizó en meristemas radicales pretratados con paradichlorobenceno por 12 hs., fijados en etanol-ácido acético (3:1) y coloreados con orceína acética 2 %. Los resultados muestran que en todas las accesiones los núcleos interfásicos evidencian cuerpos heterocromáticos variables en forma y tamaño del tipo arreticulado; con patrón de condensación profásico proximal en todos los cromosomas del complemento. El número cromosómico es $2n = 20$, presentando cromosomas metacéntricos a submetacéntricos, pequeños, de los cuales, tres pares cromosómicos exhiben satélites. Nuestros resultados confirman la diploidía del género, coincidiendo el número cromosómico y la morfología con los antecedentes, aunque se destaca la presencia de satélites que no concuerda con las especies afines estudiadas.

RELACIONES GENÓMICAS ENTRE *Paspalum indecorum* Y *P. chacoense*

Giardinieri Carlen NCH¹, CL Quarín², EJ Martínez², AI Honfi¹.

¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal (IBS-CONICET-UNaM), ²IBONE-CONICET. FCA. UNNE.
e-mail: nalachantal@hotmail.com

Paspalum indecorum Mez y *P. chacoense* Parodi han sido incluidas en el grupo subgenérico Caespitosa. Ambas son diploides ($2n=2x=20$), con meiosis regular, de reproducción sexual y alógamas por autoincompatibilidad. *Paspalum indecorum* se distribuye en el sudeste de Paraguay, nordeste de Argentina, oeste de Río Grande do Sul (Brasil) y noroeste de Uruguay. *Paspalum chacoense* es una especie bastante rara de la región chaqueña, en el norte de Argentina y la zona oeste de Paraguay. El objetivo de este trabajo fue establecer las relaciones de parentesco entre ambas especies a través de la hibridación interespecífica y el análisis de la meiosis de sus híbridos. Se hicieron cruzamientos controlados entre Q3639 × Q3630 (*P. indecorum* × *P. chacoense*) y se analizaron 51 microsporocitos en Diacinesis y Metafase I de la meiosis del híbrido interespecífico #2. Se detectaron univalentes (I) y bivalentes (II). El promedio de I fue de 0,7 ($\pm 0,15$) con un rango de 0 a 4 por célula, mientras que los II variaron de 8 a 10 con un promedio de 9,65 ($\pm 0,07$) por célula. Se registraron II tanto abiertos ($0,8 \pm 0,12$) como cerrados ($9,12 \pm 0,12$). La frecuencia de quiasmas por bivalente fue de 1,9 y por célula de 19,02. Si bien se observaron cromosomas rezagados en Anafase I y Telofase I no se encontraron micronúcleos en las tétradas. El apareamiento cromosómico en la meiosis del híbrido evaluado demuestra que hay una importante homología entre los genomas de *P. indecorum* y *P. chacoense*. Estos resultados sustentan la inclusión de estas dos especies en un mismo grupo taxonómico a nivel subgenérico.



EPG

COMUNICACIONES LIBRES

EPIGENÉTICA

DIFERENCIACIÓN DE CÉLULAS PROGENITORAS RETINALES MEDIANTE SEÑALES EPIGENÉTICAS EN BIOENSAYOS 3D

Fernández JP, AM Cruz Gaitán, NG Carri. IMBICE, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular- La Plata - Buenos Aires, Argentina.

e-mail: jfernandez@imbice.gov.ar

En la Zona Ciliar Marginal (ZCM) de la retina de aves y mamíferos se ha descubierto la presencia de células progenitoras, pero poco se conoce sobre los mecanismos de inducción de la proliferación y la diferenciación mediados por señales epigenéticas. Asimismo, el conocimiento de estos mecanismos es de suma importancia en el desarrollo de estrategias terapéuticas para lesiones retinales. Mediante bioensayos 3D se analizó el perfil morfológico e inmunológico de células de la ZCM de embriones de ave (pollo y codorniz), cultivadas en suspensión bajo condiciones basales con Stem Cells Media. A las 72 horas de cultivo primario, se realizó un pasaje de Neuroesferas (NS) disociadas manteniéndose las condiciones iniciales. Luego de la formación de NS de segunda generación (72 hs), se procedió a la estimulación con distintos factores tróficos (FGF₉, GDNF, Noggin) sobre gel de *colágeno I*. Bajo la acción de estas señales epigenéticas se observó activación de la diferenciación celular, evidenciado por un aumento en la aparición y extensión de neuritas en todos los tratamientos respecto al control. La expresión de marcadores de proliferación (PCNA, KI67) y de progenitores (GFAP, Nestina, Vimentina, O₄, A₂B₅, Pax₆, S100, TubIII, NeuN, NSE) se analizó mediante inmunocitoquímica obteniéndose distintas marcas positivas de acuerdo al tratamiento. El cultivo 3D sobre *colágeno I* proporciona un excelente medio de crecimiento y sostén facilitando así el estudio de los procesos de diferenciación retinal producto de la activación del tándem génico de éstas células.

SEÑALES EPIGENÉTICAS QUE INDUCEN LA DIFERENCIACIÓN DE PROGENITORES NEURALES EN BIOENSAYOS 3D

Cruz Gaitan AM, JP Fernandez, NG Carri. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular.

e-mail: anamaria_o723@hotmail.com

En la zona subventricular de los mamíferos se demostró la existencia de células progenitoras pero poco se conoce acerca de la activación génica que induce su proliferación y diferenciación mediante señales tróficas, asunto relevante en la investigación de la neuroregeneración. Mediante bioensayos 3D se analizó el perfil morfo-inmune de células de Cuerpo Estriado (CE) de embriones de rata E14 cultivadas en suspensión bajo condiciones basales con stem cells media (48 h), y luego de la formación de Neuroesferas (NS) éstas se estimularon con Factores tróficos (FT) tales como NGE, NTN, NT-3, FGF9 ó NOOGIN sobre gel de colágeno I. A las 72 horas del cultivo primario se realizó un repique de NS disociadas manteniendo las condiciones iniciales hasta la nueva formación de las mismas y repitiendo el proceso de siembra en colágeno y estimulación con FT. La expresión de marcadores de proliferación (PCNA, KI67) y de progenitores (GFAP, Nestina, Vimentina, O₄, A₂B₅, Pax₆, S100, TubIII, NeuN, NSE) se analizó mediante inmunocitoquímica obteniéndose marcas positivas, además se evidenció una óptima aparición y extensión de neuritas y células gliales en todos los cultivos cuyo nicho se encontraba influenciado con señales epigenéticas, especialmente aquellos estimulados con NT-3, FGF9 y NOGGIN. La activación del tándem génico de células progenitoras neurales obtenidas de CE y cultivadas en matrices 3D de gel de colágeno I, proporciona una excelente herramienta para estudiar su proliferación y en términos de neuritogénesis su diferenciación bajo la acción de señales epigenéticas-tróficas.

EPIGENÉTICA Y EXPRESIÓN GÉNICA EN FIBROBLASTOS DÉRMICOS CON CAPACIDAD DE DIFERENCIACIÓN PANCREÁTICA

Giménez CA, F Pereyra Bonnet, P Argibay. Unidad de Reprogramación Celular, Instituto de Ciencia Básica y Medicina Experimental del Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina.
e-mail: carla.gimenez@hospitalitaliano.org.ar

La diferenciación celular *in vitro* abre nuevas posibilidades para las terapias de reemplazo celular en la clínica. Particularmente nuestro equipo ha trabajado sobre la plasticidad de los fibroblastos dérmicos de pacientes diabéticos diferenciándolos hasta células productoras de insulina ($n=2$). Esta plasticidad celular podría estar relacionada con mecanismos epigenéticos y de expresión génica. En el presente trabajo se estudió el nivel de metilación en fibroblastos dérmicos sobre los sitios CpG en promotores del gen *PDX1* (clave en el desarrollo pancreático) y de los genes asociados a la pluripotencialidad *NANOG* y *OCT-4*, mediante conversión del ADN con bisulfito sódico y posterior secuenciación directa. Los fibroblastos mostraron un perfil de metilación incompleta en *PDX1* y genes pluripotenciales que varió entre 10-95 % dependiendo la CpG estudiada. Asimismo, en los controles usando células linaje pancreático específicas los promotores de *PDX1* se encontraron completamente desmetilados (0 %), mientras que en los genes pluripotenciales estaban completamente metilados (100 %). Un estudio de la expresión génica se realizó mediante microarrays ($n=2$) y observamos la expresión de genes marcadores de fibroblastos (*CD34*, Elastin, Filamin-B, *COL12A1* and *COL8A1*) como la expresión de genes del desarrollo, variantes de histonas y genes asociados a la remodelación de la cromatina y nucleosomas (*BMPs*, *SMADs*, y otros). Futuros estudios deberán llevarse a cabo para determinar si el perfil epigenético y de expresión génica hallados en los fibroblastos dérmicos colabora con su capacidad plástica.

ANÁLISIS DE LA IMPRONTA GENÓMICA DEL GEN PEG1/MEST EN MUESTRAS DE PACIENTES CON CÁNCER COLORRECTAL

Rodriguez MB¹, ML Pellegrini¹, MA Redal², C Vaccaro⁴, PF Argibay³.
¹Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina, ²Unidad de Medicina Molecular y Genómica, Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina, ³Instituto de Ciencias Básicas y Medicina Experimental e Instituto Universitario, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina, ⁴Servicio de Cirugía General, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina.
e-mail: mariabetiana.rodriguez@gmail.com

El Cáncer Colorrectal (CCR) es una enfermedad que no solo involucra alteraciones genéticas sino también cambios epigenéticos. La impronta genómica (IG) es un mecanismo por el cual determinados genes se expresan de forma monoalélica de acuerdo al origen parental de los alelos. Se ha observado que las alteraciones en la IG están implicadas en el desarrollo de algunos tipos de cáncer. El gen humano PEG1/MEST presenta IG, exhibiendo una expresión preferencial por el alelo paterno. Con el objetivo de evaluar la presencia de cambios epigenéticos de PEG1/MEST en pacientes con CCR, y su asociación con la edad de los pacientes y el progreso de la carcinogénesis, se ha estudiado el estado de la IG en muestras de mucosa normal y tejido tumoral. De los 40 pacientes analizados, 26 fueron informativos para el polimorfismo de *AflIII*, dos de los cuales mostraron pérdida de la heterocigosidad en el tumor. Los productos de RT-PCR fueron analizados por digestión enzimática en las muestras que mantuvieron la heterocigosidad para determinar la expresión génica. Los resultados muestran pérdida de la impronta genómica (LOI) en el tejido tumoral del 58 % de los pacientes, de los cuales sólo el 14 % mantuvo la IG en la mucosa normal. El 42 % restante de los pacientes mantuvieron la IG en ambos tejidos. No se ha encontrado asociación de las alteraciones de la IG con la edad del paciente o el estadio de la carcinogénesis. El alto porcentaje de LOI en las muestras de los pacientes analizados sugiere que el gen PEG1/MEST estaría involucrado en el desarrollo y avance del CCR.

ACTIVACIÓN DE TRANSPONESOS COMO FUENTE DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN HÍBRIDOS SINTÉTICOS DE *Solanum SP.*

Rendina AP^{1,2}, RC Paz², RW Masuelli^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, UNaM. Felix de Azara 1552, (3300) Posadas, Misiones, Argentina, ²IBAM (Conicet-UNCuyo) Alte. Brown 500, (5507) Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina. e-mail: a.rendinagonzalez@gmail.com

La hibridación interespecífica en el género *Solanum* es un fenómeno común y representa una importante fuente de variabilidad crucial en la adaptación y especiación del género. En este sentido, el efecto de la hibridación interespecífica sobre las familias de retrotransposones presentes en los genomas y su consecuente efecto sobre la generación de variabilidad genética en especies silvestres de *Solanum* están poco caracterizados. El objetivo de este estudio fue analizar la variabilidad morfológica, genética y epigenética entre genotipos de *S. kurtzianum* y *S. microdontum* y con híbridos inter e intraespecíficos obtenidos mediante cruzamientos controlados. Para los análisis genéticos y epigenéticos se utilizaron las técnicas de *S-SAP* y *TMD* respectivamente, utilizando cebadores específicos para las familias de retrotransposones *Tnt1* y *Tto1* (Orden *LTR*, Superfamilia *Copia*). Los resultados obtenidos indican que a nivel morfológico, los híbridos interespecíficos se distinguen de las especies parentales, mientras que los intraespecíficos no. En ambos casos se observaron reducciones significativas en la viabilidad de los granos de polen, y esto fue dependiente del genotipo progenitor. A nivel genético, *Tnt1* y *Tto1* se movilizaron de una manera cruzamiento-específica, mientras que a nivel epigenético, se observaron patrones diferenciales de metilación en *Tnt1* y no en *Tto1*. Estos resultados explican un posible mecanismo por el cual los eventos de hibridación generan variabilidad genética mediada por retrotransposones, repercutiendo sobre la biología y la evolución del género *Solanum*.

INESTABILIDAD GENÓMICA ASOCIADA A LA HIBRIDACIÓN INTERESPECÍFICA EN PAPA

Cara N¹, CF Marfil¹, RW Masuelli^{1,2}. ¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, U.N.Cuyo, Mendoza. CONICET, ²EEA La Consulta, INTA. e-mail: ncara@fca.uncu.edu.ar

La hibridación interespecífica ha sido descrita como un fenómeno frecuente entre las especies silvestres de papa (género *Solanum* sección *Petota*). La combinación de genomas de distinto origen en un mismo núcleo produce cambios tanto a nivel genético como epigenético. Éstos se reflejan en variaciones fenotípicas que podrían contribuir a la amplia adaptabilidad ecológica de las poblaciones naturales de papa. Actualmente se considera que 27 de las 235 especies silvestres de papa (sección *Petota*) son híbridos naturales, aunque la taxonomía de la sección es imbricada y está en constante revisión. *Solanum x rechei* es el único taxón confirmado de haberse originado por hibridación entre *Solanum kurtzianum* (*ktz*) y *Solanum microdontum* (*mcd*), especies con las que convive en simpatria. En este estudio, mediante cruzamientos sexuales controlados *ktz* x *mcd* (y recíproco) se resintetizó el híbrido y a través de las técnicas AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) y MSAP (*Methylation-Sensitive Amplification Polymorphism*) se estudió su variabilidad genética y epigenética, respectivamente. La comparación de patrones de amplificación de AFLP y MSAP entre los híbridos sintéticos y padres mostró rearrreglos tanto genómicos como de patrones de metilación. Además comparando los híbridos sintéticos con el híbrido natural (*S. x rechei*), se encontraron patrones compartidos de metilación no observados en las especies parentales.

CAMBIOS EPIGENÉTICOS ESTOCÁSTICOS EN ALOPOLIPLÓIDES DE PAPA

Duarte PF¹, RW Masuelli^{1,2}, C Marfil¹. ¹Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo Mendoza, CONICET, ²EEA La Consulta, INTA.

e-mail: pduarte@mendoza-conicet.gob.ar

La hibridización y la poliploidización han tenido un rol importante en la evolución de las especies de papa (género *Solanum*, sección *Petota*). Estudios anteriores han demostrado que la hibridización en papa induce una serie de cambios genéticos y epigenéticos. Sin embargo, se desconoce en qué medida la aloploidización, fenómeno que implica la duplicación cromosómica tras un evento de hibridización, induciría reestructuraciones genéticas y epigenéticas en este grupo de plantas. El objetivo del presente trabajo es evaluar si la duplicación cromosómica en aloploidos de papa genera cambios genéticos y epigenéticos. El modelo experimental implica la comparación de un híbrido interespecífico diploide control ($2n=2x=24$) con dos tipos de líneas derivadas por tratamiento in vitro con colchicina: (i) líneas alotetraploides ($2n=4x=48$), y (ii) líneas diploides tratadas con colchicina pero que no duplicaron su genoma ($2n=2x=24$). Análisis con microsatélites (SSR) mostraron que ni el tratamiento con colchicina ni la duplicación cromosómica indujeron cambios genéticos. Por otra parte, el análisis de la metilación del ADN con MSAP (*Methylation-Sensitive Amplification Polymorphism*), mostró cambios en los patrones de metilación en ambos tipos de líneas respecto al control diploide. Los cambios observados variaron entre un 7 % y un 42 % respecto al total de los fragmentos analizados. Los resultados indican una tendencia estocástica en los cambios epigenéticos observados ya que no fueron sistemáticamente atribuibles a las líneas alotetraploides en particular.



FG

COMUNICACIONES LIBRES

FARMACOGENÉTICA

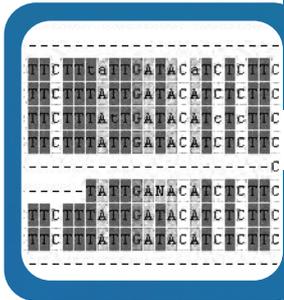
FG 1

INFLUENCIA DEL POLIMORFISMO DEL EXON 12 DEL GEN MDR1 EN EL DESARROLLO DE PCT EN INDIVIDUOS CON VIH

Zuccoli J², V Melito^{1,3}, J Lavandera¹, MV Rossetti^{1,3}, A Batlle¹, V Parera¹, AM Buzaleh^{1,3}. ¹CIPYP, CONICET, Hospital de Clínicas, UBA, ²Cátedra de Bromatología y Nutrición, Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, UNL, Santa Fe, ³Departamento de Química Biológica, FCEN, UBA.

e-mail: melito@qb.fcen.uba.ar

El gen de la Resistencia a Multidrogas 1 (MDR1) codifica para una glicoproteína transmembrana (PgP), transportador ATP dependiente de numerosos xenobióticos y antirretrovirales. Se han identificado unos 50 polimorfismos de nucleótido simple (SNP), entre ellos 3 de alta frecuencia en los exones 12, 21 y 26 que afectarían la expresión de PgP y por ende tanto la eficacia terapéutica como la toxicidad de drogas. La Porfiria Cutánea Tardía (PCT), la más común en Argentina se desencadena por varios factores como fármacos y drogas de abuso. En nuestro país 15 % de los PCT son portadores del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), siendo los individuos VIH susceptibles de desarrollar PCT. Para evaluar el rol de los polimorfismos del gen MDR1 en la expresión de la PCT, previamente se genotipificó en individuos controles, PCT y PCT-VIH la variante genética C3435T en el exón 26, indicando una posible influencia de este polimorfismo en la manifestación de la PCT independientemente de la infección por VIH. El objetivo fue estudiar la frecuencia del polimorfismo (C1236T) del exón 12 de la PgP mediante PCR-RFLP. La frecuencia génica del alelo polimórfico fue 0,34 (control, n= 38); 0,58 (PCT, n= 32) y 0,26 (PCT-VIH, n= 23). Se observaron diferencias significativas entre los grupos control y PCT (pT explicaría la alta incidencia (1:7 *vs.* 1:25000) y manifestación más temprana (mediana: PCT/VIH 39 y PCT 48 años) de la Porfiria en la población infectada.



GBIO

COMUNICACIONES LIBRES

GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA

DISEÑO DE CEBADORES DEGENERADOS PARA AMPLIFICAR UN FRAGMENTO DEL GEN ENDO-1,4-B-XILANASA

Díaz GV, EM Giorgio, MI Fonseca, PD Zapata, LL Villalba. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca". Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones. e-mail: gabrielavdiaz@live.com

La utilización de endo-1,4- β -xilanasas ha surgido como una tecnología alternativa en el blanqueo de pastas lignocelulósicas, reduciendo de esta manera el uso de compuestos clorados en la industria celulósico-papelera. Nuestro grupo está interesado en el estudio molecular de las enzimas xilanolíticas producidas y secretadas por el hongo de pudrición blanca *G. applanatum* cepa F, nativo de Misiones y el objetivo particular de este trabajo fue amplificar un fragmento génico codificante para la enzima endo-1,4- β -xilanasas de la familia 11. Para ello, se diseñaron cebadores degenerados que permitan la amplificación de dicho fragmento. Primeramente, se realizó un alineamiento múltiple de secuencias aminoacídicas de endoxilanasas pertenecientes a basidiomicetes, disponibles en la base de datos del NCBI con el programa T-Coffee. Se identificaron dos regiones consenso para el diseño de los cebadores sentido y antisentido, la hipótesis de tambaleo fue utilizada para minimizar el índice de degeneración. A su vez, a cada cebador se le adicionó la secuencia de reconocimiento para la enzima de restricción PstI, en caso de que fuera necesario clonar. Los cebadores diseñados fueron testeados *in silico* con el programa Fast PCR y ensayados en el laboratorio pudiéndose amplificar un fragmento génico putativo de tamaño similar al esperado de 400 pb, que deberá ser corroborado y validado mediante clonación y secuenciación.

DISEÑO DE CEBADORES PARA UN GEN RESPONSABLE DE LA ACTIVIDAD BIOCONTROLADORA DE *Beauveria* sp.

Bich GA, ML Castrillo, GV Díaz, EL Recalde, MG Medvedeff. Laboratorio de Microbiología e Inmunología – UNaM - Mariano Moreno 1375 – Posadas, Misiones. e-mail: gustavobich@yahoo.com.ar

El hongo entomopatígeno *Beauveria* es un patógeno natural de insectos y ha sido empleado y desarrollado como agente activo en insecticidas microbianos contra numerosas plagas importantes en agricultura. La virulencia fúngica está mayormente relacionada hacia los primeros pasos de la infección que involucra la acción de enzimas degradadoras de cutícula. Numerosos estudios están dirigidos a lograr cepas fúngicas modificadas biotecnológicamente que produzcan una sobreexpresión de factores de virulencia. Una de las enzimas encargadas de la degradación de la cutícula de los insectos son las proteasas tipo subtilisina Pr1. Estas enzimas son importantes para la degradación de la cutícula de insectos y crecimiento saprofitico del hongo. El objetivo del presente estudio fue diseñar iniciadores para la amplificación del gen de proteasas tipo subtilisina Pr1 para *Beauveria* sp. para ello se seleccionaron secuencias aminoacídicas del banco de datos del NCBI y se alinearon empleando la herramienta ClustalW del software Mega 5.2. En base a los patrones de alineamiento logrados se identificaron solo 2 regiones conservadas y se usaron para el diseño de los iniciadores. La eficiencia de estos iniciadores fue probada virtualmente empleando FastPCR para verificar sus cualidades, como el contenido de G-C, temperatura de hibridación (T_m) o formación de homo o heterodímeros, obteniéndose los cebadores sentido y antisentido con características dentro de las esperadas. Finalmente estos cebadores restan por ser evaluados empíricamente en el laboratorio.

ANÁLISIS Y TRADUCCIÓN DE UN FRAGMENTO DEL GEN CBHI DE UNA CEPA DE *Trichoderma* sp. NATIVA DE MISIONES

Castrillo ML, NS Amerio, MI Fonseca, PD Zapata, LL Villalba. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología InBioMis. Universidad Nacional de Misiones. Ruta 12 km 7 1/2. Posadas (3300), Misiones.
e-mail: mlc_827@hotmail.com

Debido a su abundancia como componente principal de las plantas, la celulosa posee un enorme potencial como fuente de energía renovable. Una propuesta prometedora es su bioconversión a través de enzimas celulasas para la obtención de bioetanol. Sin embargo, el alto costo de producción de estas enzimas ha obstaculizado su aplicación industrial. Por ello resulta esencial profundizar los conocimientos sobre las características moleculares de los sistemas celulolíticos iniciando la búsqueda de las secuencias génicas de estas enzimas. El objetivo del presente trabajo fue analizar “*in silico*” la secuencia obtenida de un fragmento génico de 372 pb de la cepa NAN13 de *Trichoderma*, aislada de la provincia de Misiones y llevar a cabo su traducción mediante herramientas bioinformáticas disponibles *online*. Para el análisis de identidad se utilizó la herramienta BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool for nucleotide*) del NCBI (*National Center of Biotechnology Information*), proporcionando una identidad máxima del 95 % con el gen que codifica para celobiohidrolasas (*cbh1*) de *Trichoderma harzianum*. La traducción de la secuencia nucleotídica a su correspondiente secuencia aminoacídica fue realizada con la herramienta *Expasy Translate*, para elegir el marco de lectura correcto, las seis posibles secuencias aminoacídicas fueron analizadas mediante las herramientas BLASTp (*Basic Local Alignment Search Tool for protein*) del NCBI, y de esta manera, se obtuvo la secuencia proteica para el fragmento génico analizado.

DISEÑO DE CEBADORES DEGENERADOS PARA LA AMPLIFICACIÓN DE ENDOGLUCANASAS EN CEPAS DEL GÉNERO *Aspergillus*

Zini PL, ML Castrillo, EA Gonzalez, GA Bich, MI Fonseca, PD Zapata, LL Villalba. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología Misiones - InBioMis. Universidad Nacional de Misiones. Ruta 12 Km 7 1/2. Posadas.
e-mail: zinipablo@yahoo.com.ar

Las endoglucanasas (EGs) son parte del complejo de enzimas celulolíticas que hidrolizan enlaces beta-1,4-glicosídicos, usando como sustrato la celulosa, siendo ampliamente requeridas en la obtención de bioetanol. Tomamos como modelo biológico hongos del género *Aspergillus* por varias razones: son fácilmente aislados de muchos sustratos en descomposición, requieren condiciones mínimas de manejo y son normalmente citados como grandes secretores de estas enzimas. Con el fin de amplificar un fragmento del gen que codifica para EGs en cepas del género *Aspergillus*, diseñamos cebadores degenerados que permitan lograr esto. El diseño fue llevado a cabo mediante la búsqueda de secuencias aminoacídicas correspondientes a EGs registradas en la base de datos del NCBI (*National Center of Biotechnology Information*), con la ayuda de la herramienta BLASTp (*Basic Local Alignment Search Tool for protein*). Se seleccionaron 14 secuencias de *Aspergillus* que presentaron mayor porcentaje de identidad. Se alinearon mediante el programa ClustalW2 y en base a las secuencias consenso encontradas se diseñaron cebadores degenerados, teniendo en cuenta la nomenclatura IUPAC y la hipótesis del tambaleo para reducir su índice de degeneración. La factibilidad de los cebadores se evaluó con el programa Fast PCR observando que el porcentaje de GC oscilaba entre 40 y 60 %, las temperaturas de fusión no se encontraban separadas por más de 5° C y no presentaban formación de dímeros. Estos cebadores serán evaluados en el laboratorio para lograr la amplificación del fragmento de interés de aproximadamente 330pb.

GBIO 5

DISEÑO DE CEBADORES DEGENERADOS PARA LA AMPLIFICACIÓN DEL GEN QUE CODIFICA PARA B-1,4-GLUCOSIDA

Castrillo ML, EA Gonzalez, MP Barengo, GA Bich, GV Diaz, PD Zapata, LL Villalba. Instituto de Biotecnología Misiones, InBioMis. Universidad Nacional de Misiones. Ruta 12 km 7 1/2. Posadas, Misiones, Argentina. e-mail: march_bar@hotmail.com

En el proceso de producción de bioetanol, se requieren enzimas del complejo celulasas, como las β -1,4-glucosidasas. La bioconversión de celulosa a etanol surgió como una alternativa para reducir el uso de combustibles fósiles, pero su alto costo ha obstaculizado su aplicación industrial. Una forma de favorecer su empleo es identificar y caracterizar los sistemas génicos secretores de β -1,4-glucosidasas. El objetivo del presente trabajo fue diseñar cebadores degenerados que permitan la amplificación de un fragmento génico que codifica para la enzima β -1,4-glucosidasa en hongos del género *Trichoderma* nativos de Misiones. Mediante el recurso bioinformático BLASTp (*Basic Local Alignment Search Tool for protein*) del NCBI (*National Center of Biotechnology Information*) se realizó un análisis de similitud utilizando como referencia la secuencia aminoacídica de beta-1,4-glucosidasa de *T. reesei* (BA74959.1) y se eligieron 21 secuencias por mayor porcentaje de identidad. Se realizó un alineamiento múltiple mediante el programa ClustalW2 y fueron seleccionadas dos regiones conservadas (A y B) para el diseño manual del cebador sentido y una región para el cebador antisentido, basándose en el código genético. Los mismos fueron analizados “*in silico*” mediante el programa Fast PCR 6.2, pudiéndose concluir que la combinación cebador sentido B y cebador antisentido proporcionan el contenido CG y la Tm recomendadas para su óptima amplificación. De este modo, mediante la puesta a punto de la PCR sería posible obtener un fragmento génico de aproximadamente de 350pb.

GBIO 6

DISEÑO DE CEBADORES PARA AMPLIFICAR EL GEN QUE CODIFICA PARA B-1,3-GLUCANASAS EN *Trichoderma*

Sioli GA, ML Castrillo, MB Otegui, PD Zapata, LL Villalba. Instituto de Biotecnología Misiones “María Ebe Rea” (InBioMis). Universidad Nacional de Misiones. Ruta 12 km 7 1/2. Posadas, Misiones, Argentina. e-mail: gastonsioli@gmail.com

La capacidad de *Trichoderma* sp. de secretar β -1,3-glucanasas extracelulares se ha correlacionado con el biocontrol de hongos fitopatógenos. Para favorecer su empleo industrial como controlador biológico es importante identificar y caracterizar los sistemas génicos secretores de β -1,3-glucanasas. Nuestro objetivo fue diseñar cebadores degenerados que permitan la amplificación de un fragmento génico que codifique para la enzima β -1,3-glucanasa en hongos del género *Trichoderma* nativos de Misiones. Mediante el recurso bioinformático BLASTp (*Basic Local Alignment Search Tool for protein*) del NCBI (*National Center of Biotechnology Information*) se realizó un análisis de similitud utilizando como referencia la secuencia de β -1,3-glucanasa de *Trichoderma viride* (ABM55269.1) siendo elegidas 14 secuencias con mayor porcentaje de identidad. Se alinearon mediante el programa ClustalW2 y fueron seleccionadas una región consenso (A) para el diseño manual del cebador sentido y dos regiones para el cebador antisentido (B y C). Los mismos se analizaron “*in silico*” mediante el programa Fast PCR 6.4, pudiéndose concluir que la combinación cebador sentido A y los cebadores antisentido B y C proporcionan el contenido CG y la Tm recomendadas para su óptima amplificación. Aun así, el fragmento considerado entre los cebadores A y C es grande y podría dificultar su amplificación correcta; por lo cual, la combinación de cebadores A y B resulta más adecuada para su utilización, esperándose obtener un fragmento génico aproximado de 930pb, mediante la puesta a punto de la PCR.

ANÁLISIS DE VARIANZA MOLECULAR CON INTERACCIÓN ENTRE FACTORES DE CLASIFICACIÓN DE LAS POBLACIONES

Bruno C, M Balzarini. CONICET- Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.
e-mail: cebruno@agro.unc.edu.ar

En estudios genotípicos de poblaciones, la diversidad genómica total de los haplotipos moleculares puede ser expresada como la suma de componentes de varianza molecular entre y dentro de grupos de individuos conformados por uno o más factores de clasificación. Debido a la alta dimensionalidad de los datos moleculares, las sumas de cuadrados (SC) para el análisis de varianza molecular se obtienen a partir de distancias multivariadas entre pares de haplotipos. La SC asociada a cualquier término de un modelo lineal puede ser calculada a partir de una matriz de distancia por su relación matemática con la suma de distancias al cuadrado. Para las SC asociadas a marcadores booleanos (expresados como presencia/ausencia), la distancia Euclídea es frecuentemente usada. Estas SC han sido utilizadas para contrastar hipótesis sobre variabilidad entre y dentro de grupos en estructuras jerárquicas o ‘anidadas’ de factores (AMOVA). Sin embargo, cuando los factores de clasificación exhiben una estructura ‘cruzada’, es de interés probar la significancia de la interacción entre ellos. En este trabajo se postula y evalúa una nueva prueba estadística para medir la significancia de la interacción entre factores de clasificación a partir de perfiles moleculares. La prueba es de naturaleza no-paramétrica, no demanda la elección de un método de permutación para hallar la significancia y goza de las propiedades del *test* no-paramétrico de Kruskal-Wallis ya que se basa en la aplicación del mismo sobre el valor absoluto de residuos de distancias entre y dentro de los grupos formados por ambos factores.



GEDU

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA Y EDUCACIÓN

ESTRATEGIAS DOCENTES EN GENETICA Y ANALISIS DE ACREDITACIONES: CARRERA DE MEDICINA, UNL

Castañeira M, L Carrera, R Markariani. Facultad de Ciencias Médicas. UNL.

e-mail: marcastaneirao3@hotmail.com

La enseñanza y el aprendizaje de la genética en primer año enfrentan a docentes y alumnos con dificultades, que exigen reflexiones. Este proceso involucra cambios en las actividades y en la elaboración de material de estudio. Se propusieron distintas estrategias pedagógicas y se analizaron a través de los resultados de las acreditaciones. En los años 2011 y 2012 se dictaron dos talleres disciplinares, en el primero se rescataron conceptos de biología molecular que se habían abordado en el curso de ingreso y herencia mendeliana; en el segundo se plantearon y practicaron estrategias de interpretación y resolución de problemas. En 2013 se desarrollaron tres actividades disciplinares de manera independiente: los procesos genéticos básicos con modalidad de trabajos prácticos, los principios mendelianos y finalmente la estrategia de resolución de problemas en grupos pequeños. Se calcularon los porcentajes de acreditación en cada año, resultando que en el 2011 de 253 estudiantes acreditaron el 88 %, en 2012 de 269 el 73 % y en 2013 de 323 el 82%. Estos resultados nos hacen reflexionar que a pesar de incorporar actividades y material escrito debemos promover la enseñanza para la construcción de significados sobre la memorización. Sabemos que es un proceso muy complejo en el que además de la comunicación oral y escrita, juegan un rol importante las estructuras cognitivas previa del estudiante. En definitiva, es necesaria la selección de los contenidos y actividades de manera crítica y fundamentada, apuntando hacia la calidad de los aprendizajes más que a su cantidad.

LECCIÓN SOBRE VACUNAS OBTENIDAS POR INGENIERÍA GENÉTICA EN EL AULA VIRTUAL DE INMUNOLOGÍA

Mazzuca A, O Sánchez Negrette. Facultad de Veterinaria. Universidad Católica de Salta.

e-mail: amazzuca958@gmail.com

En la cátedra de Inmunología de la Carrera de Veterinaria los alumnos de tercer año tienen dificultades para apropiarse significativamente de conceptos claves, como lo son las vacunas veterinarias obtenidas por ingeniería genética. Para contribuir a que mejoren sus competencias de aprendizaje, se implementó el Aula Virtual bajo la modalidad de *blended-learning* en la plataforma *moodle*. La metodología utilizada es Investigación-Acción. Se proyectó la actividad *Lección en moodle*, que consiste en una serie de *páginas* en las que se incorpora contenidos conceptuales en hipertexto, imágenes y animaciones. Cada una de ellas termina con una pregunta y un número de respuestas posibles. Dependiendo del cual sea la elección del estudiante progresará a la próxima *página* o volverá a una *página* anterior. Tiene que tomar decisiones sobre las Vacunas por subunidades, Vacunas atenuadas (con vectores bacterianos y virales mutantes), Vacunas marcadoras (que permiten distinguir a los animales vacunados de los infectados), Vacunas de DNA (con vectores plasmídicos que portan genes que codifican para la proteína antigénica, logrando su expresión en el tejido del animal inmunizado) y Vacunas verdes (obtenidas de plantas transgénicas). Para conocer la valoración y nivel de satisfacción del recurso: contenido, aplicabilidad, diseño tecnológico, pedagógico y comunicativo, se realizó una encuesta a los estudiantes, que reveló que la *Lección* colaboró para el proceso de comprensión de las características, ventajas y riesgos de las vacunas logradas por ingeniería genética.

IMPLEMENTACIÓN DE SEMINARIOS PARA MEJORAR LA COMPRESIÓN Y MANEJO DEL LENGUAJE ESPECÍFICO EN EL CURSO DE GENÉTICA

González II, SE Siewert, MC Della Vedova, GV Mendoza, ME Vasquez Gomez, MA Palavecino Nicotra, SM Marsá. Universidad Nacional de San Luis.

e-mail: irmacarlini@yahoo.com.ar

El curso de Genética se dicta en 3° año de las Licenciaturas en Biología molecular, Ciencias Biológicas y Profesorado en Biología. Por la dificultad de los alumnos para integrar los conocimientos y la utilización de la terminología de la materia, a partir del año 2007, se implementó la modalidad de seminarios como actividad final del curso. Objetivo: Mejorar la integración de los conocimientos y promover la utilización de terminología adecuada e investigación sobre temas correspondientes al curso. Metodología: Se convocó a los alumnos regulares y promocionales a que formen grupos de 3 personas, se les propuso una lista de temas. Fueron orientados en la búsqueda bibliográfica, manera de presentación de los seminarios y se fijó un día para la presentación oral. Se otorgaron consultas previas. El tiempo de exposición fue de 15 minutos por grupo, mediante Power Point, participaron todos los integrantes del grupo y se realizó en presencia de los compañeros y profesores, quienes luego de cada seminario realizaron debate y preguntas sobre el tema expuesto. El trabajo fue evaluado y la nota promediada con los parciales. Resultados: Luego de varios años de la aplicación de esta metodología se puede afirmar que los resultados fueron satisfactorios, los alumnos mostraron gran interés en la investigación de los temas, se iniciaron en la búsqueda bibliográfica y adquirieron un lenguaje adecuado para la presentación de la clase. Conclusión: Con la realización de seminarios, se logró una mejor comprensión e integración de los contenidos del curso Genética.

RENDIMIENTO ACADÉMICO COMPARATIVO DE ALUMNOS DE LAS CARRERAS DE BIOQUÍMICA Y FARMACIA DE LA UNSL

Palavecino Nicotra MA, II González, SM Marsá, ME Vasquez Gomez, MC Della Vedova, GV Mendoza, SE Siewert. Universidad Nacional de San Luis.

e-mail: alepala4@gmail.com

La materia "Genética" se cursa en Tercer año de Licenciatura en Bioquímica y de Farmacia. La regularidad dura dos años y nueve meses. Objetivo: Realizar el seguimiento comparativo, del rendimiento académico de los alumnos que cursaron en el año 2009, hasta el vencimiento de la regularidad. Se calcularon los porcentajes (%) de promocionales, regulares y libres; y el % de alumnos regulares que rindieron la materia en cada período lectivo y la nota promedio. Se estudiaron un total de 77 alumnos de Bioquímica y 21 de Farmacia. Resultados: Promoción: Bioquímica: 15,5 % y Farmacia 9,5%; Regular: Bioquímica 80,5% y Farmacia 80,9%; Libre: Bioquímica 3,9% y Farmacia 9,5%. Desempeño período regularidad: 1er año: 29% y 29,4%; 2do año: 161% y 47%; 3er año 24,2% y 23,5%, Bioquímica y Farmacia respectivamente. Alumnos que no aprobaron el curso: 30,7% Bioquímica. Rendimiento académico (calificación): promoción: 8,8 y 7,8; 1er Año: 81 y 7,9; 2do Año: 7,5 y 7,2 y 3er Año: 6,2 y 9,2 para Bioquímica y Farmacia, respectivamente. Conclusiones: el desempeño académico de los alumnos en Bioquímica disminuyó conforme se acumulara más tiempo entre la regularidad y vencimiento de la misma. En Farmacia, el mayor desempeño se alcanzó en el 3er año de regularidad. El 2do año de regularidad fue el más utilizado en Farmacia y el menos usado en Bioquímica. El total de los alumnos de Farmacia logró aprobar el curso y un 30% de Bioquímica desertó. Posiblemente debido a la menor salida laboral que presenta Bioquímica asociado a la situación económica actual y la aparición de carreras de menor duración.

GENÉTICA VETERINARIA: PERTINENCIA DENTRO DEL PLAN DE ESTUDIOS SEGÚN LA PERCEPCIÓN DE LOS ESTUDIANTES

Cattaneo AC^{1,2}, AI Seoane^{1,2,3}, MV Ponzinibbio^{1,2,3}, AG Antonini^{1,2}. ¹Curso de Genética Veterinaria, FCV, UNLP, ²IGEVET (CONICET-UNLP), FCV, UNLP, ³CONICET.

e-mail: cattaneo.ac@gmail.com

El presente estudio se realizó con el fin de relevar las opiniones de los alumnos acerca de los contenidos de la materia y la pertinencia de su inclusión en el nuevo plan de estudios. Se realizaron dos encuestas, una al comienzo y otra al final del curso. Para el análisis estadístico se utilizaron las pruebas de ji-cuadrado y anova multifactorial. En la primera encuesta, los alumnos que llevan menos años de permanencia en la carrera, le dan mayor prevalencia a la necesidad de incluir la asignatura en la currícula ($p < 0,01$). Esto también se pone en evidencia si se los agrupa según el plan de estudios al cual pertenecen ($\chi^2 = 6.8$ $p < 0,01$). Sin embargo en la encuesta final no se observaron diferencias significativas. Asimismo se encontró una relación entre el área de interés en la carrera y el tema del Curso que a los alumnos les resultó más atrayente (Selección) ($\chi^2 = 26.04$ $p = 0.011$). Pero no se observó relación entre el área de interés en la carrera y el tema que los alumnos consideran más importante dentro del curso ($\chi^2 = 16.16$ $p = 0.184$). Estos resultados sugieren que los alumnos pudieron percibir que los contenidos eran relevantes para su formación como Médicos Veterinarios. La elección del tema que consideran más importante en el desarrollo del curso no estuvo relacionada con sus preferencias personales. Este hecho indicaría que los alumnos comprendieron la materia de manera que pudieron discernir el tópico fundamental de la misma, ya que la asignatura tiene como principal objetivo que los estudiantes sean capaces de utilizar herramientas genéticas para el mejoramiento animal.

EL RESULTADO DE LA EVALUACIÓN COMO INDICADOR VÁLIDO DE LOGROS DE OBJETIVOS DE CONOCIMIENTO

Rozados VR^{1,3}, RJ Di Masso^{1,2,3}, AM Dottavio^{1,2}. ¹Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias, ²CIC-UNR. ³Instituto de Genética Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Rosario.

e-mail: viviana.rozados@gmail.com

Los contenidos de genética cuantitativa de la asignatura Genética de la carrera de Medicina Veterinaria se estructuran en torno al modelo de partición de la variancia fenotípica. Estudios previos evidenciaron la tendencia de los estudiantes a manifestar conocimiento ritual e inerte en la resolución de problemas de la disciplina. Con este fundamento se diseñó una evaluación con 5 ítems que permitiera indagar estos aspectos brindando información relacionada con la construcción de un saber significativo más que memorístico del tema. El 17% (9/53) de los estudiantes respondió en forma correcta todas las opciones y ninguno respondió incorrectamente la totalidad. Las respuestas correctas para cada ítem fueron: 86% de los estudiantes para el ítem 1 (evalúa conocimiento memorístico); 30 % para el ítem 2 (evalúa comprensión de las relaciones que vinculan repetibilidad, heredabilidad y grado de determinación genética); 75% para ítem 3 (ejercitación que reproduce modalidad impartida en clase); 43% para el ítem 4 (comprensión de las relaciones entre los tres parámetros); 60% para el ítem 5 (solicita con una modalidad no aplicada en clase, el cálculo de parámetros a partir del valor de algunas variancias, invirtiendo el razonamiento aplicado en el ítem 2). El tipo de evaluación diseñado, al combinar diferentes estrategias de abordaje del mismo contenido, permitió detectar inconsistencias propias del conocimiento ritual e inerte en la elaboración de las respuestas por parte de los estudiantes y se mostró como un indicador válido del logro de objetivos de conocimiento.

LA EVALUACIÓN FINAL COMO HERRAMIENTA DE INTEGRACIÓN DEL APRENDIZAJE EN GENÉTICA

Milano MA, FS Pantuso, J Maidana, VB Pulido. Universidad de Morón, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Licenciatura en Genética.

e-mail: vivianabpulido@hotmail.com

Las actividades de enseñanza y evaluación aportan a la formación integral del estudiante. Aplicando actividades significativas se busca que el estudiante exprese su potencial intelectual, concrete el aprendizaje y reconozca sus avances como resultado del estudio. Para ponderar los resultados de la acción educativa, el equipo docente elabora diversos tipos de evaluación, los que serán aplicados a lo largo del proceso enseñanza-aprendizaje, utilizándose técnicas e instrumentos que permiten recoger la información considerada y valorar el aprendizaje alcanzado. El docente tiene en el examen final oral, una herramienta holística que permite la evaluación integral de los estudiantes y para ellos constituye un desafío dado que deberán relacionar los conceptos desarrollados durante el curso. El objetivo del trabajo fue evaluar la correlación entre los resultados obtenidos en las evaluaciones finales y el desempeño durante la cursada, a través de la evaluación continua realizada. Para este trabajo se obtuvieron los resultados de los exámenes finales realizados a 42 estudiantes de los cursos 2011 y 2012 de la asignatura Genética General, y se evaluó mediante el coeficiente de correlación de Pearson, el desempeño durante la cursada. Los resultados obtenidos muestran una correlación de $r=0.764$ ($p=0.0132$) entre el resultado de los exámenes finales y el desempeño académico, obtenido a través de la evaluación continua durante el desarrollo del curso.

RELACIÓN ENTRE CONTENIDOS DE PRUEBAS DE ASISTENCIA Y PARCIALES EN AGRONOMÍA, UN RÍO CUARTO

Carena G, D Vega, A Carrera, E Grassi, H di Santo, E Castillo, A Ferreira, V Ferreira. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.

e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

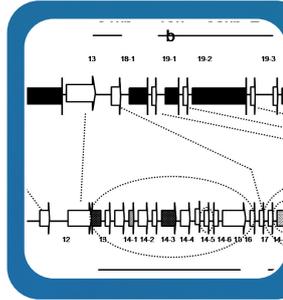
La regularidad en Genética (Agronomía-UN R. Cuarto) se obtiene con 80% de asistencia evaluada mediante pruebas rápidas (PA) y aprobación de 2 pruebas parciales (PP). Sugerencias psicopedagógicas llevaron a modificar el contenido de las evaluaciones. Las PP consistieron históricamente en sentencias teóricas de múltiple opción (T) y problemas (P); agregándose a partir de 2011 imágenes para comentar (I). Las PA hasta 2011 consistieron en responder 2 conceptos clave de cada tema del programa tomados al azar del listado entregado al inicio del cursado. El cambio efectuado en 2012 en las PA consistió en reemplazar una palabra clave por una I y una T, similares a las incluidas en las PP. El objetivo fue evaluar el impacto de esta inclusión sobre el rendimiento académico de la cohorte 2012. Se analizaron 1085 pruebas correspondientes a 444 alumnos 2011-2012, mediante ANVA, prueba de Duncan y correlaciones simples. Las PA aprobadas disminuyeron en 2012 ($F=7411^{***}$), marcando la dificultad para la interpretación de I y/o T. Las respuestas correctas en PP fueron variables. Respecto al 2011, no hubo diferencias en T (52,7% vs 52,2%), mientras que mejoró la comprensión de P (51,7% vs 59,8%) pero disminuyó la de I (42,6% vs 39,0%) ($F=54,69^{***}$). Las correlaciones entre PA aprobadas y % de respuestas correctas en 2011 respecto a 2012 aumentó en I ($r=0,29$ vs $r=0,43$) y en P ($r=0,37$ vs $r=0,53$) y se mantuvo igual en T ($r=0,36$). La inclusión de imágenes no fue el único factor que definió el resultado de las PP 2012, aunque se observó una tendencia a mejorar el desarrollo de preguntas tipo P.

GEDU 9

LOS ASPIRANTES A LA LIC. EN GENÉTICA EN LA UNAM, ¿TIENEN MOTIVOS CLAROS DEL PORQUE DE SU ELECCIÓN?

Pittana Hengen C. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales.
e-mail: klary211@hotmail.com

Se plantearon dos objetivos: 1) Determinar si los egresados del secundario, que optan por la carrera Licenciatura en Genética, tienen motivos claros del porqué de su elección. 2) Identificar las razones por la que eligen la misma. Se plantea como hipótesis: Los egresados del secundario optan por la carrera Licenciatura en Genética teniendo motivos concisos del porqué de su elección. Para lo que se realizó una encuesta de tipo abierta a 76 aspirantes al ingreso de la carrera. Se indagó sobre varias temáticas pero en lo que se centra el presente trabajo: ¿Cuáles son los motivos por los que eligió esta carrera? Las respuestas de los estudiantes fueron agrupadas en seis categorías las que se enumeraron del uno al seis (sin que esto denote jerarquía alguna) Un 33% (25 personas) eligieron la categoría 1: Afinidad por la Biología; la categoría 2: Afinidad por la Genética fue seleccionada solamente por un 12% (9); en la 3er categoría: Interés general por la carrera hay un 38% (29); otra categoría, la 4ta: Buen futuro de la carrera, la prefirieron un 3% (2); en la categoría 5: Cursó la modalidad de Ciencias Naturales hay un 5% (4), y finalmente un 9% (7) forman parte de la categoría 6: No sabe. Esto permite rechazar la hipótesis dado que las respuestas que brindaron los estudiantes son poco específicas; es destacable que los encuestados quieren ingresar a una carrera de grado que dura 5 años, compleja y específica en cuanto a sus contenidos. De aquí nace la idea en un futuro hacer un seguimiento de los ingresantes durante el primer año de estudio, viendo su evolución académica.



GGM

COMUNICACIONES LIBRES

GENÓMICA Y GENÉTICA MOLECULAR

DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES REMANENTES DE *Cedrela fissilis* EN LA SELVA PARANAENSE

Soldati MC^{1,4}, L Fornés^{2,4}, S Barth³, E Eskiviski³, N Zelener^{1,4}. ¹IRB-CIRN, INTA Castelar, ²INTA-EEA Famaillá, ³INTA-EEA Montecarlo, ⁴Miembros de LAFORGEN.

e-mail: mcsoldati@yahoo.com.ar

El cedro misionero (*Cedrela fissilis*), recurso altamente valorado en el mercado forestal, está categorizado como especie “En Peligro” (IUCN 2013) debido a una intensa presión antrópica que ha promovido el drástico decrecimiento del tamaño, conectividad, sanidad y valor económico de sus poblaciones naturales en la Selva Paranaense. A fin de conservar las poblaciones remanentes de la especie como generadores de bienes y servicios ambientales, e identificar futuras fuentes de selección para programas de mejora, es esencial conocer sus actuales niveles de diversidad genética y la estructuración de la misma. Con este objetivo se realizaron análisis genómicos en 8 poblaciones remanentes localizadas en el rango de distribución natural de la especie en Argentina, utilizando 10 marcadores SSR. Se observaron altos niveles de diversidad intrapoblacional, siendo la H_e promedio de 0.82 ($d_s = 0,04$). La diferenciación genética, estimada a través de un AMOVA, fue moderada ($\Phi_{PT} = 0,06$; $p = 0,001$). Un análisis bayesiano permitió identificar 4 grupos genéticos, distribuidos de forma heterogénea entre las poblaciones, uno de ellos presente de forma casi exclusiva ($\approx 93\%$) en una población localizada al sur de la distribución de la especie, en la provincia de Corrientes. A pesar del alto grado de deterioro del recurso, estos resultados preliminares sugieren niveles de diversidad genética adecuados para la implementación de estrategias de conservación, incluyendo la preservación de poblaciones con mayor y/o particular diversidad.

RESPUESTA TRANSCRIPCIONAL DE *Solanum tuberosum* A *Myzus persicae*: ¿PARTICIPA EL ENDOSIMBIOTE DEL ÁFIDO?

Machado Assefh CR^{1,2}, G Lopez Isasmendi^{1,2}, AE Alvarez¹. ¹Cátedra de Química Biológica y Biología Molecular. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta (UNSa). Salta, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

e-mail: cristina.machado@conicet.gov.ar

El pulgón verde del duraznero *Myzus persicae* Sulzer, es la plaga de mayor importancia en el cultivo de papa. Al igual que todos los áfidos, se asocia con la bacteria endosimbiótica *Buchnera aphidicola*. Los perfiles transcripcionales de *Solanum tuberosum* infestada por *M. persicae* muestra cambios en la expresión de un gran número de genes: 1) relacionados a la patogénesis (PR), 2) de la vía del ácido salicílico (SA) y ácido jasmónico (JA) y 3) genes del metabolismo celular. Muchos de estos genes están relacionados con procesos de cambio del estado fisiológico de la planta que pasa de fuente a sumidero, lo que sugiere una manipulación por parte del áfido. Estos cambios estarían mediados por un efector, que podría tratarse de un componente salival sintetizado por el insecto o su endosimbionte, *B. aphidicola*. Se evaluó la participación de *B. aphidicola* en la manipulación que realiza *M. persicae* en la fisiología de la plantas. Se analizó la expresión de genes de *S. tuberosum* por RT-qPCR en respuesta a áfidos aposimbióticos (tratados en dieta con antibiótico), áfidos normales en dieta control y áfidos normales criados en planta. Se evaluaron genes de distintas vías de defensa (SA, JA, y etileno) y genes PR que se expresan en *S. tuberosum* en respuesta a *M. persicae*. Las plantas expuestas a áfidos aposimbióticos mostraron diferencias en la expresión del gen *pr1* (vía del SA) y del gen *lox* (vía del JA) en relación a los áfidos normales, lo que sugiere la participación de *B. aphidicola* en la manipulación de la fisiología de la planta por parte del áfido.

TRANSCRIPTÓMICA DE LA INTERACCIÓN ENTRE *Citrus limon* Y UNA VARIANTE DE *Xanthomonas citri* ssp. *citri*

Orce IG¹, LN Sendín¹, C Luque², M Arias², R Roeschlin³, MR Marano³, AP Castagnaro¹, MP Filippone¹. ¹Estación Exp. Agroind. Obispo Colombes, ²Cátedra de Anatomía Vegetal. Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo. Universidad Nacional de Tucumán, ³Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (UNR). Instituto de Biología Molecular de Rosario (IBR).
e-mail: georginaorce@yahoo.com

La bacteria *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (XC) es el agente causal de la canchrosis de los cítricos. Recientemente se identificó una nueva variante, Xcc A^T, que induce una respuesta de tipo hipersensible en *Citrus limon*. Con el objetivo de analizar los genes que se expresan diferencialmente durante la interacción, se realizó un análisis transcripcional utilizando la técnica cDNA-AFLP, 48 horas post-inoculación con las cepas Xcc A^T y XC. Se seleccionaron 121 fragmentos derivados de transcritos polimórficos obtenidos con 18 combinaciones de cebadores, de los cuales fueron secuenciados 62 y comparados con las bases de datos de nucleótidos y proteínas disponibles. En el análisis de la expresión global, se observó que el 16 % de las secuencias no presentó homología con secuencias depositadas en las base de datos. El resto presentó similitud a secuencias de genes involucrados en el metabolismo (15 %), genes de resistencia (15 %), transcripción y traducción (13 %), energía (10 %), señalización celular (5 %), estructura celular (5 %) y transporte de proteínas (2 %). Otro grupo presentó elevada similitud con proteínas no caracterizadas (8 %) o con genes que se expresan en cítricos sin una función conocida (11 %). Estos resultados permitieron realizar las primeras hipótesis de los mecanismos involucrados en la resistencia y susceptibilidad de *Citrus limon* a XC y proveer una categorización inicial de los posibles genes involucrados en los eventos tempranos de reconocimiento y señalización y que podrían utilizarse para la generación de estrategias biotecnológicas en el manejo de la enfermedad.

GENÓMICA COMPARADA DE TRIATOMINOS: ANÁLISIS EVOLUTIVO DE GENES DE DESARROLLO EMBRIONARIO

Pascual A¹, A Lavore^{1,2}, R Rivera Pomar^{1,2}. ¹Centro de Bioinvestigaciones, Universidad del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, ²Centro Regional de Estudios Genómicos, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: agustinapascualo7@gmail.com

El desarrollo de la genómica de insectos tiene un gran impacto en la entomología básica y aplicada al control de plagas o a insectos beneficiosos. Recientemente un consorcio internacional del cual nuestro laboratorio forma parte completó el secuenciamiento del genoma de *Rhodnius prolixus*, un insecto modelo vector de la enfermedad de Chagas. Con el fin de ampliar el conocimiento del genoma de triatomos, secuenciamos y ensamblamos el transcriptoma de tres especies de la Familia Reduviidae de distintas regiones de América: *Triatoma dimidiata*, *Triatoma pallidipennis* y *Triatoma infestans*. La secuenciación abarcó todos los estadios de la vida de los insectos. Usando la información generada realizamos la búsqueda y análisis del complemento total de los genes implicados en el desarrollo embrionario de insectos, desde estadios embrionarios temprano hasta el desarrollo post-embrionario. Con ese fin, generamos una base de datos de aproximadamente 1700 genes con los que se realizó una búsqueda por similitud de secuencia utilizando el algoritmo blastall para comparar nuestra base de datos con los transcriptomas de las tres especies del género *Triatoma* y de *R. prolixus*. De esta forma identificamos un amplio repertorio de genes en las cuatro especies analizadas con un alto nivel de conservación de secuencia. Los genes se compararon con los conocidos en otros insectos y se determinaron las diferentes tasas de evolución. A partir de los resultados obtenidos, se seleccionaron alguno de los genes para su validación funcional por RT-PCR y ARNi parental.

GENÓMICA COMPARADA DE LA RESISTENCIA A INSECTICIDAS EN TRIATOMINOS

Traverso L¹, S Ons², G Mougabure Cueto³, A Lavore¹, R Rivera Pomar^{1,2}.
¹Centro de Bioinvestigaciones, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, ²Centro Regional de Estudios Genómicos, Universidad Nacional de La Plata, ³Centro de Investigaciones en Plagas CITEDEF-CONICET.
e-mail: lucilamtraverso@gmail.com

El conocimiento del genoma de los insectos nos permite analizar de manera global los genes que se relacionan con la resistencia a insecticidas, información relevante para el control de vectores de enfermedades. *Rhodnius prolixus* es un vector de la enfermedad de Chagas cuyo genoma ha sido secuenciado. En nuestro laboratorio secuenciamos el transcriptoma de tres triatominos vectores de Chagas: *T. dimidiata*, *T. pallidipennis* y *T. infestans*. Con el fin de determinar vías de resistencia a insecticidas, identificamos genes relacionados a cambios de expresión génica en respuesta a insecticidas, como en *Anopheles gambiae* y *Drosophila melanogaster*, o en hemípteros como *Cimex lectularius*. Generamos una base de datos de genes relacionados con resistencia y realizamos una búsqueda (blastall) en los transcriptomas de los cuatro vectores. Identificamos un amplio repertorio de genes a partir del análisis de transcriptos relacionados a detoxificación metabólica, transcriptos que codifican para proteínas cuticulares y de respuesta a insecticidas. Varios de estos genes se encontraron conservados en diversas especies, tales como superóxido dismutasa, catalasa, glutatión peroxidasa, citocromo P450 y glutatión S-transferasa. En base a estos estudios se comenzaron análisis de genómica funcional por secuenciamiento masivo de transcriptomas en respuesta a insecticidas para contribuir a un mejor conocimiento de los procesos de resistencia en triatominos. Este proyecto fue financiado por el Subsidio de Fortalecimiento de Centros e Institutos (UNNOBA) y PICT 2011-0135 (ANPCyT).

IDENTIFICACIÓN DE GRANDES INDELS MEDIANTE TILLING DE CLOROPLASTOS EN CEBADA

Lencina F^{1,2}, AM Landau¹, MG Pacheco¹, K Kobayashi², A Prina¹.
¹Instituto de Genética "E. A. Favret", CICVyA, CNIA, INTA Castelar, ²Laboratorio de Agrobiotecnología, Departamento de Fisiología, Biología Celular y Molecular, FCEN, UBA.
e-mail: flencina@cnia.inta.gov.ar

Mediante la aplicación de la técnica de genética reversa conocida como TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*) a nivel del genoma nuclear, se han reportado numerosos casos de sustituciones y de pequeños INDELS de una o dos bases, pero son escasos los reportes de INDELS de tamaños superiores, siendo 30 pb el tamaño máximo detectado. A través de la adaptación del TILLING para la detección de polimorfismos del genoma de los cloroplastos (plastoma), se analizaron plantas de cebada portadoras del genotipo mutador de los cloroplastos (cpm/cpm), el que se utilizó como mutágeno biológico del plastoma. Además de numerosas mutaciones puntuales, se identificaron 4 INDELS con tamaños de 15, 45, 79 y 620 pb, localizándose uno de ellos en el gen *rps3*, otro en el gen *psbA* y los otros dos en regiones intergénicas. Llamativamente, estos INDELS se ubicaron entre regiones repetidas directas de longitud variable, lo que sugiere que su origen podría estar relacionado con eventos de recombinación homóloga. Este fenómeno particular detectado en el plastoma y cuya frecuencia podría estar aumentada debido a una acción indirecta del efecto mutador, permite demostrar que es posible la identificación de grandes INDELS por TILLING. Es interesante mencionar que el fragmento perdido por la delección en el gen *rps3* tampoco se encuentra en la versión normal del mismo gen del maíz, lo que sugiere que un evento similar al aquí detallado ocurrió espontáneamente en la historia evolutiva del gen del maíz.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Acca sellowiana* (BERG) BURRET POR EL USO DE DNA DE CLOROPLASTO.

Olkoski D, JM Otálora, VS Petry, GHF Klabunde, RO Nodari.
Universidade Federal de Santa Catarina.
e-mail: klabunde.gustavo@gmail.com

Acca sellowiana (Myrtaceae), conocida como feijoa, es un arbusto fructífero con potencial económico, distribuido entre el sur de Brasil, Argentina y el norte de Uruguay. El objetivo de este trabajo fue el de caracterizar la diversidad genética de esta especie utilizando secuencias de DNA de cloroplasto y así determinar sus relaciones evolutivas y filogeográficas. Fueron secuenciados los marcadores de plastidio *trnH-psbA* e *trnS-trnG* de 30 poblaciones, generando 1021 pb alineadas y 10 haplotipos. La diversidad nucleotídica (π) fue de 0,00211, mientras que la haplotípica (Hd) fue de 0,8167. Se observó una alta estructuración genética entre las poblaciones ($\Phi_{ST} = 0,892$; $p < 0,001$) indicando flujo genético restringido y/o ausente en pequeñas distancias y una baja relación entre la distancia genética y geográfica ($r = 0,382$; $p < 0,0019$) con la prueba de Mantel. Ocho de los 10 haplotipos se encuentran ubicados en el norte de la distribución natural de la especie indicando que esta región es el mayor centro de biodiversidad. De forma general fueron encontrados dos patrones de distribución de la diversidad, en la región con latitud inferior a 29° 32' S la especie se encuentra en altitudes superiores a 500 msnm en asociación con el bosque de araucaria, la diversidad es mayor. Entre tanto a partir de la latitud 29° 65' S, la especie ocurre en altitudes inferiores a los 400 msnm, diversidad menor y señales de dispersión reciente. Estas dos regiones no comparten haplotipos. Se recomienda la utilización de otros marcadores moleculares para entender mejor la historia evolutiva de la especie.

VARIABILIDAD DE SSR FUNCIONALES EN ESPECIES DEL GÉNERO *Prosopis*

Pomponio MF¹, C Acuña², V Pentreath³, AR Verga⁴, S Marcucci², S Torales¹. ¹IRB-CIRN, INTA Castelar, ²IB-CCVyA, INTA Castelar, ³Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco, ⁴Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales, CIAP, INTA.
e-mail: fpomponio@enia.inta.gov.ar

Un total de 13 marcadores microsatélites (SSRs) polimórficos, localizados en genes de estrés abiótico y metabólicos provenientes del transcriptoma de *Prosopis alba*, fueron analizados en 20 individuos de *P. alba* y transferidos a *P. denudans*, *P. chilensis*, *P. flexuosa* e híbridos interespecíficos. Se observó un 93 % de transferibilidad y un alto porcentaje de SSRs resultaron polimórficos en las otras especies (64 % en *P. denudans* y *P. chilensis* y 73 % en *P. flexuosa* y los híbridos). La identidad de los amplicones obtenidos en las especies e híbridos fue analizada por secuenciación automática y alineamiento múltiple. Todas las especies presentaron alelos exclusivos y permitieron la diferenciación de las mismas. Los híbridos también mostraron alelos exclusivos pero no pudieron diferenciarse de las especies parentales *P. flexuosa* y *P. chilensis*. El número de alelos en todos los loci varió de 2 a 9, respecto a los valores de PIC observados, de las 48 combinaciones de locus-especie analizadas, 14 presentaron valores superiores a 0,5. Como era esperable para microsatélites que derivan de regiones altamente conservadas, se obtuvo una alta transferibilidad a otras especies y un nivel de polimorfismo menor comparado con los SSRs genómicos. Este conjunto de marcadores complementará a los ya desarrollados en *P. chilensis* y *P. alba*. Por ser marcadores funcionales resultan de particular interés para su utilización en futuros estudios de asociación con caracteres adaptativos, así como estudios poblacionales de carácter evolutivo en el género *Prosopis*.

MÉTODO ECONÓMICO DE GENOTIPIFICACIÓN POR FLUORESCENCIA DE SSR EN *Anadenanthera colubrina* var. *cebil*

Goncalves AL^{1,2}, ME Barrandeguy^{1,3,4}, MV García^{1,3,4}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM. ²Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica de Misiones. ³Instituto de Biología Subtropical. ⁴Consejo Nacional de Investigaciones y Técnicas.
e-mail: alej.gonc@gmail.com

La genotipificación empleando microsatélites (SSRs) se realiza, generalmente, mediante electroforesis capilar y un sistema de detección láser. Para ello, uno de los cebadores de cada locus debe llevar una marca fluorescente. Dado que incorporar una marca fluorescente por cada par de cebadores es costoso, se ensayó el método propuesto por Schuelke (2000) en el cual se emplea un único cebador universal marcado con fluorescencia. Se genotipificaron 10 individuos de *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (Leguminosae) mediante cuatro *loci* SSRnu específicos aplicando los dos métodos, es decir: empleando una marca fluorescente por cada par de cebadores SSRs específicos y empleando el método de Schuelke (2000). En este último se empleó el cebador universal M13 marcado con el fluoróforo FAM en su extremo 5'. Al extremo 5' de los cebadores SSRs *forward* se incorporó el cebador M13 y se utilizaron los cebadores *reverse* originales. Estos cebadores se utilizaron en una proporción 0,3:0,4:1, respectivamente. Se requieren temperaturas diferentes de hibridación para el cebador universal marcado y para los cebadores SSRs específicos para asegurar el éxito de este método. Ambos métodos permitieron genotipificar a los individuos de manera eficaz aunque el método de Schuelke resulta más eficiente ya que el empleo de un único cebador marcado para genotipificar múltiples *loci* reduce los costos de manera proporcional al número de regiones analizadas.

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE RGL2 EN SEMILLAS DORMANTES Y NO DORMANTES DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.)

Roselló PL^{1,3}, M Calafat¹, A Andrade², ML Molas¹. ¹Facultad de Agronomía, UNLPam. Ruta 35 km 334. CP 6300. ²CONICET- Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNRC. ³Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNAM.
e-mail: pauros_o3@hotmail.com

Las semillas de girasol (*Helianthus annuus* L.) recién cosechadas se consideran dormantes porque no logran germinar aún en condiciones favorables. La incapacidad de germinar constituye un problema para la producción eficiente de las semillas de girasol que deben ser sembradas luego de la cosecha. El control de la dormición y la germinación se lleva a cabo por la acción simultánea de Ácido Abscísico (ABA) y Giberelinas (GAs). La pérdida de la dormición implica la degradación de ABA y un incremento en la biosíntesis de GAs. Con el fin de comprender las bases genéticas de este fenómeno se estudió la expresión del gen *RGL2* (*RGA-like 2*), un intermediario en la señalización de GAs perteneciente a la subfamilia DELLA. Se ha propuesto que *RGL2* controla un mecanismo de inhibición de la germinación y su expresión disminuye o desaparece en presencia de GAs, lo cual desencadenaría la germinación. La expresión de *RGL2* se analizó mediante PCR semicuantitativa en semillas secas y embebidas (3 y 6 horas) de una línea dormida (B123) y no dormida (B91) de girasol. En semillas secas de la línea B123, *RGL2* presentó un nivel de expresión de 1,31 veces en relación al control interno de Actina. Luego de iniciada la imbibición se observó una disminución de los transcritos a valores de 0,86 a las 3 hs y 0,79 a las 6 hs. Por su parte, en la línea B91, *RGL2* presentó niveles muy bajos de expresión tanto en semillas secas (019) como en semillas embebidas (016). Estos resultados sugieren que *RGL2* actuaría como un regulador negativo en la germinación de semillas de girasol.

CARACTERIZACIÓN DE SECUENCIAS DEL GEN LEFTY2 EN CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS

Valdecantos PA¹, MB Rivero¹, MS Coria¹, AD Barrera^{1,2}, M Roldán-Olarte^{1,2}, DC Miceli^{1,2}. ¹Instituto de Biología "Dr. Francisco D. Barbieri", Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, UNT, ²Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), CONICET-UNT. e-mail: pvaldecantos@fbqf.unt.edu.ar

El gen *lefty2* se expresa en la mitad izquierda de embriones en desarrollo durante la gastrulación y participa en la determinación de la asimetría izquierda-derecha. La proteína *lefty2* presenta un elevado grado de conservación en su secuencia de aminoácidos, con una similitud mayor al 80 % entre diferentes especies de vertebrados. El gen *lefty2* está organizado en 4 exones separados por 3 intrones. No se conoce la secuencia de este gen en ninguna de las cuatro especies de camélidos sudamericanos (CS). El objetivo de este trabajo fue caracterizar secuencias del gen *lefty2* de vicuña, guanaco, alpaca y llama. En base a secuencias genómicas completas del gen *lefty2* de diferentes especies de mamíferos, se diseñaron pares de cebadores específicos para amplificar a cada exón. A partir de muestras de ADN de vicuña, guanaco, alpaca y llama, se obtuvieron por PCR, productos de amplificación específicos (exón 1: 340 pb; exón 2: 198 pb; exón 3: 240 pb; exón 4: 252 pb) que fueron secuenciados. Las secuencias de nucleótidos fueron comparadas, utilizando el programa MEGA 5.1, con secuencias homólogas de primates, artiodáctilos, carnívoros y roedores. Se encontraron diferencias interespecíficas y mutaciones puntuales propias de CS y de artiodáctilos. Se construyeron árboles filogenéticos; los CS se agruparon en un mismo clado monofilético del Orden Artiodactyla. Se diseñaron nuevos cebadores específicos y se amplificó el intrón 1 de *lefty2* de *Vicugna vicugna* y *Lama guanicoe*; la longitud de este intrón presenta diferencias con *Homo sapiens*, *Bos taurus* y *Sus scrofa*.

MC1R Y ASIP: GENES INVOLUCRADOS EN DEFINIR EL COLOR DE CAPA EN LLAMAS

Daverio MS¹, F Di Rocco¹, F Rigalt², S Romero³, L Vidal Rioja¹. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CIC-PBA, CCT-CONICET, Calle 526 e/ 10 y 11, CP(1900), La Plata, Buenos Aires, ²EEA, INTA-Catamarca, Catamarca, ³EEA Abra Pampa, INTA-Jujuy. e-mail: sdaverio@imbice.gov.ar

La interacción entre los genes MC1R (receptor 1 de melanocortina) y ASIP (péptido de señalización Agouti) controlan el tipo de pigmento eumelánico (marrón-negro) o feomelánico (rojo-amarillento) producido y su localización. A nivel molecular se identificaron variantes alélicas en el gen MC1R y se caracterizó el exón 4 de ASIP en Llamas (Daverio *et al.*, 2012) pero el rol de ambos genes en la determinación del color de capa es aún desconocido. El objetivo del estudio fue analizar los genotipos de los genes MC1R y ASIP en llamas de distinto color de capa. Se estudiaron 90 llamas agrupadas por color: blanco no albino (BNA), marrón oscuro y negro (MO), marrón claro (MC) y marrón rojizo con cara y extremidades negras (MCN). Mediante PCR se amplificaron y secuenciaron los dos genes. El análisis de los genotipos indicó que la mayoría de los animales con presencia de eumelanina (en diferentes grados de intensidad de color) son portadores del alelo MC1R*1. La combinación de esta variante con ASIP*1/- ó ASIP*3/ASIP*3 resultó asociada a llamas MC y MO, respectivamente. La frecuencia del alelo MC1R*2 presentó diferencias significativas entre los grupos de color de capa, encontrándose en homocigosis solo en BNA. No hubo correlación entre el fenotipo MCN y los genotipos de ambos genes. Se concluye que mutaciones en regiones diferentes a la estudiada podrían explicar el color MCN. Asimismo, los alelos de ASIP determinan los fenotipos MC y MO.

IDENTIFICACIÓN DE SNPS ÚTILES EN LA DETECCIÓN DE HÍBRIDOS EN CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS DOMÉSTICOS

Lorenzo YE¹, MS Daverio¹, LB Vidal Rioja¹, WE Johnson², F Di Rocco¹.
¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CIC-PBA, CCT-CONICET, Calle 526 e/ 10 y 11, CP(1900), La Plata, Buenos Aires,
²Smithsonian Conservation Biology Institute, Front Royal, Virginia, USA.
 e-mail: yesicalorenzo@hotmail.com

Los polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) han mostrado ser útiles en la determinación de ancestría e identificación de híbridos. Existen cuatro especies de camélidos sudamericanos. Las dos silvestres, el guanaco y la vicuña, dieron origen por domesticación a la llama, y la alpaca respectivamente. La ocurrencia de hibridación entre las formas domésticas dificulta la correcta asignación de especie, siendo el ADN mitocondrial de utilidad limitada. Utilizando información disponible a partir de la secuenciación del genoma completo de la alpaca (KB632434.1), se seleccionaron 4 marcadores de un panel de 20, con el objetivo de evaluar su utilidad en la determinación de ancestría en llamas argentinas. Para ello, se secuenciaron 4 fragmentos de 600-700 pb, en una muestra de 102 camélidos de las 4 especies, incluyendo una población de llamas de la provincia de Catamarca (n= 34). Se encontró un total de 13 polimorfismos, seleccionándose entre ellos 4 marcadores no ligados. Utilizando el programa Structure, y asumiendo dos poblaciones ancestrales (K= 2), se evaluó la probabilidad de pertenencia de las muestras a cada uno de los clusters (q_s). La mayoría de las llamas analizadas se agruparon en el cluster de guanacos ($q_s > 0.98$). Siete animales (20 %) presentaron valores más bajos de q_s (0,34-0,88), mostrando evidencias de mezcla. En las alpacas se observó una alta proporción de animales heterocigotas y ancestría mezclada. La aplicación de marcadores como los aquí descritos, será de utilidad en problemas de asignación de especie y en la identificación de híbridos en camélidos domésticos.

ASOCIACIÓN DE UN SNP DEL PROMOTOR 1XB DEL GEN CAST CON TERNEZA DE LA CARNE EN NOVILLOS BRANGUS

Motter MM¹, PM Corva², G Marrube¹, MC Miquel², J Papaleo Mazzucco², EL Villarreal², ML Melucci², CA Mezzadra², A Schor³, LA Soria¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA, ²Unidad Integrada Balcarce (EEA-INTA/ Fac. Cs. Agrarias, UNMDP), ³Facultad de Agronomía, UBA.
 e-mail: lsoria@fvet.uba.ar

La calpastatina es el inhibidor de las calpaínas, las enzimas que integran uno de los sistemas proteolíticos del músculo esquelético responsable de la tiernización postmortem de la carne. Una de las cuatro isoformas de dicha enzima, denominada CAST-II, se expresa a partir del promotor 1xb. La re-secuenciación comparativa de dicho promotor (1053 pb, 98.444.965-98.446.017 de AC_000164, UMD 3.1) en toros Angus y Brahman permitió confirmar el SNP C/G (#rs 137189823, posición 98.445.200), hallar un Indel (CGGGGGCGGGG, 98.445.729-98.445.741) y dos nuevos SNPs en 98.445.715 (C/T) y 98.445.763 (C/G), donde la mutación C/T elimina un sitio de unión para el factor de transcripción SP1. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del SNP C/T sobre terneza (resistencia al corte, RC) de la carne en novillos Brangus. Mediante secuenciación se determinaron los genotipos de todos los novillos con valores extremos de RC (n= 35) de un total de 247, clasificados en dos grupos: alta (≥ 8 kg, n= 18) y baja (≤ 5 kg, n= 17). Se observó una distribución similar de ambos genotipos homocigotas en cada grupo, hallándose 5 y 6 novillos TT con bajo y alto RC, respectivamente y 11 animales CC en cada grupo. Las medias por mínimos cuadrados de cada genotipo fueron $7,34 \pm 0,59$ kg y $7,40 \pm 0,84$ kg para CC y TT, respectivamente. Se concluye que bajo las presentes condiciones, no se detectó un efecto significativo del SNP sobre RC, lo que indicaría que el marcador no tiene efecto sobre la terneza o el mismo es sumamente pequeño como para ser de relevancia es una estrategia de Selección Asistida por Marcadores.

CARACTERIZACIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL GEN BOVINO HSL INVOLUCRADO EN EL METABOLISMO LIPÍDICO

Goszczyński DE, DM Posik, G Giovambattista, MV Ripoli. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV), CCT La Plata – CONICET – Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: dango147@gmail.com

HSL (LIPE) es una enzima citoplasmática involucrada en el suministro de ácidos grasos, catalizando la hidrólisis de triglicéridos, diacilgliceroles y ésteres de colesterol. Algunos autores detectaron diferencias en los perfiles de expresión de este gen en animales con diferente calidad de carne, sugiriendo un papel importante sobre el desarrollo de ciertos caracteres productivos. Por lo tanto, su caracterización en diferentes razas bovinas se vuelve un tema de interés para la industria de la carne. Algunos polimorfismos han sido reportados, pero poco se conoce sobre su distribución y efecto en razas bovinas. El objetivo del presente trabajo consistió en caracterizar la variabilidad genética del gen HSL en un panel de 40 muestras correspondientes a razas criadas en Argentina, con diferente grado de marmoleo (Angus, Hereford, Holstein, Criollo, Galoway, Wagyu, Brahman y Nelore). La detección de SNPs se realizó por medio de PCR-secuenciación directa y el uso de programas y herramientas de alineamiento online. Se detectaron 20 SNPs, de los cuales 5 son inéditos: un SNP en el intrón 1 en Holstein, dos SNPs en el intrón 4 en cebuinos (Brahman y Nelore) y dos polimorfismos en el exón 8 en razas cebuinas. Con el fin de validar algunos de los SNPs hallados se diseñarán métodos de tipificación poblacional. La información resultante será de importancia para realizar trabajos de asociación entre polimorfismos del HSL y el grado de marmoleo en bovinos.

MARCADORES INMUNES EN UNA FAMILIA DE CABALLOS CRIOLLO

Sadaba SA¹, F Ortega², CM Corbi Botto¹, MH Carino¹, EE Villegas Castagnasso¹, P Peral Garcia¹, S Diaz¹. ¹IGEVEV, ²CABAÑA DE CABALLOS CRIOLLOS-Asoc. Coop. INTA Leales, Tucumán, Argentina.
e-mail: sdiaz@fcv.unlp.edu.ar

La Hipersensibilidad dérmica a la picadura de insectos (IBH) es la enfermedad de la piel más común en caballos; consiste en una dermatitis crónica, recurrente y estacional, causada por reacción alérgica a especies del género *Culicoides*. Estudios de las posibles causas genéticas de IBH en equinos reportaron su asociación con el ELA. Para determinar las características de diversos marcadores inmunes, incluso de clase II del ELA, se estudió una familia de caballos Criollo Argentino, compuesta por un padrillo afectado por IBH y 17 medio hermanos paternos. Se analizaron los STRs UM011, COR112 y STR2, el gen IL12B, y 2 los genes ELA-DRA y ELA-DRB2. Los microsatélites se amplificaron por PCR-*primers* fluorescentes, evidenciando un grado de polimorfismo apreciable. La pirosecuenciación de los marcadores ELA-DRA e IL12Be6, reveló la presencia de dos alelos para IL12Be6, y tres alelos para DRA. ELA-DRB2 se tipificó por PCR-RFLP y secuenciaron diferentes variantes para confirmar la identidad del alelo, resultando mas frecuentes *3 y *7. El locus ELA-DRA mostró los alelos *1, *2 y *3. Se estimaron disequilibrio de ligamiento e índices de diversidad génica y los haplotipos en la línea familiar. Como parte de la primera caracterización genética a nivel de genes inmunes y en concordancia con el análisis de otros marcadores genéticos en esta raza, el grupo familiar presenta considerable diversidad en los genes inmunes, con alto potencial de ser *loci* candidatos para estudios de asociación genética.

ASOCIACIÓN GENÉTICA ENTRE LA QUERATITIS SUPERFICIAL CRÓNICA Y LOS PROMOTORES DE DLA-DRB1, DLA-DQB1 Y DLA-DQA1

Barrientos LS¹, G Zapata², JA Crespi¹, DM Posik¹, S Diaz¹, V It, P Peral Garcia¹, G. Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata –CONICET– Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, ²Departamento de Clínicas, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, La Plata, Buenos Aires, Argentina. e-mail: ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

La queratitis superficial crónica (QSC) canina es una enfermedad inflamatoria corneal. La raza más afectada es el Ovejero Alemán. En la QSC hay sobreexpresión de los genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad de Clase II en el centro corneal. Con el objetivo de investigar los factores genéticos que podrían estar asociados al desarrollo de la QSC, los promotores (URR) de los genes de clase II DLA-DRB1, DLA-DQA1 y DLA-DQB1 se secuenciaron en 68 perros, incluyendo 40 animales afectados. El análisis de desequilibrio de ligamiento (LD) permitió identificar dos bloques de LD ($r^2 \geq 0.45$), con dos haplotipos para el DLA-DRB1 y cinco para el DLA-DQB1, respectivamente. La asociación entre la QSC y los alelos/haplotipos del URR-DLA, evaluados utilizando un estudio de caso-control clásico, mostró una asociación significativa entre el SNP DQB1*-154 [C/T] ($p = 0.014$), donde el alelo T incrementaría el riesgo a desarrollar la enfermedad (OR = 2.93, 95 % CI = 1.18-7.54). La asociación haplotípica mostró una asociación significativa entre el haplotipo URR-DQB1*TATC y la QSC ($P = 0.014$, OR = 2.87, 95 %, CI = 1.16-7.37). Además, los resultados obtenidos mostraron que los perros homocigotas para el SNP URR-DRB1*69 [C/T] presentaron un riesgo mayor para el desarrollo de la QSC que los heterocigotas ($p = 0.03$; OR = 4.36, 95 %). Estos resultados respaldan los estudios previos que sostienen que la QSC es una enfermedad inmunomediada y que tipificación de los genes DLA de clase II podrían ser usados para la identificación temprana de los animales susceptibles facilitando el diagnóstico de la QSC.

CARACTERIZACIÓN DE LINAJES PATERNOS EN POBLACIONES DEL NOROESTE Y CENTRO-OESTE DE ARGENTINA

Jurado LS¹, J Beltramo¹, MS Schwab^{1,2}, JMB Motti^{1,2}, M Muzzio^{1,2,5}, V Ramallo^{1,4}, EL Alfaro³, JE Dipierri³, CM Bravi^{1,2}, G Bailliet¹. ¹Laboratorio de Genética Molecular Poblacional. IMBICE. La Plata. Argentina, ²Facultad de Ciencias Naturales, UNLP. Argentina, ³INBIAL, UNJu. Argentina, ⁴Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil, ⁵Stanford University School of Medicine, Department of Genetics. Stanford, California, ⁶Facultad de Ciencias Económicas. UNLP- CICPA. e-mail: lsjurado@imbice.gov.ar

El cromosoma Y debido a su herencia paterna no sufre recombinación permitiendo así la reconstrucción filogenética de los linajes paternos. En la Argentina, la composición de las poblaciones se vio influenciada por la inmigración europea durante los siglos XIX y XX. Con el fin de determinar el origen continental de los linajes paternos de las poblaciones actuales del Noroeste y Centro-Oeste del país se analizaron 944 individuos provenientes de poblaciones urbanas y suburbanas de Mendoza, San Juan, La Rioja, Catamarca, Salta, Jujuy y Tucumán, se caracterizaron mediante amplificación alelo específica para los haplogrupo más frecuentes en Argentina (R1, R, J2, F, K(xQXR), Q1a3*, Q1a3a, G1, G2, I1, I2, J1, E). Los productos fueron visualizados en geles de poliacrilamida al 10 % y teñidos con GelRed. Los haplogrupos que presentaron una mayor frecuencia fueron R1, Q1a3a, F y E, lo que evidencia las fuentes principales que contribuyen al acervo genético americano. A partir del análisis de varianza molecular de la frecuencia de los haplogrupos, se encontró un grado de diferenciación entre las poblaciones de $F_{st} = 0.0512$ ($p > 0.001$). Las diferencias entre las poblaciones estudiadas puede ser el resultado de los procesos que formaron la estructura genética actual, la cual está conformada por una variedad de linajes paternos provenientes de los diferentes continentes que protagonizaron los sucesos migratorios más importantes.

DETERMINACIÓN DE MUTACIONES EN EL EXÓN 20 DEL GEN *PIK3CA*: EVALUACIÓN DE LA TÉCNICA LIS-SSCP

Acosta KB¹, MP Marks¹, MM Tibolla², PD Zapata¹. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, InBioMis - FCEQyN, UNaM., ²Cátedra de Bioquímica Clínica III - FCEQyN, UNAM.
e-mail: acostakb@yahoo.com.ar

El exón 20 del gen *PIK3CA* codifica el dominio quinasas de la subunidad catalítica de las PI3Ks de la clase IA (p110 α). Estudios previos han reportado que la mutación de A→G que lleva a la sustitución de histidina (H) por arginina (R) en la posición 1047 dentro del exón 20 de este gen, alteraría el bucle de activación y por lo tanto, su interacción con los sustratos fosfatidilinositoles. En este contexto se evaluó la utilidad de la técnica de Polimorfismo Conformacional de Cadenas Simples en soluciones con baja fuerza iónica, denominado LIS-SSCP, con el fin de determinar la presencia de la mutación hotspot H1047R en el exón 20 del gen *PIK3CA* en muestras de carcinoma mamario. Con este propósito se diluyeron 5ul de productos de amplificación en 10ul de Buffer LIS modificado (10 % sacarosa y 0,01 % azul de bromofenol). Las muestras se desnaturalizaron durante 10-15 minutos a 95° C e inmediatamente en hielo durante 5 minutos. Se sembraron y corrieron en geles de poliacrilamida al 10 % no desnaturalizantes a temperatura de 8-10° C. La corrida electroforética fue llevada a cabo en TBE 0,5X a 20mA durante 17 hs. Los geles fueron teñidos con nitrato de plata. Los distintos patrones de bandas observados fueron corroborados por secuenciación. Se logró identificar alelos mutantes y normales mediante la técnica de LIS-SSCP, lo que permitirá determinar la frecuencia de la mutación H1047R en el exón 20 y establecer su asociación respecto al riesgo de desarrollo de cáncer de mama en un estudio de caso-control.

POLIMORFISMO A380T EN LA INTEGRINA A6: DISEÑO DE CEBADORES Y OPTIMIZACIÓN DE LA TÉCNICA DE PCR

Acosta KB, MN Lorenzini Campos, MM Tiscornia, PD Zapata. Laboratorio de Biotecnología Molecular - FCEQyN, UNaM - InBioMis. e-mail: melinalorenzini@hotmail.com

La subunidad $\alpha 6$ de la integrina $\alpha 6\beta 4$ es codificada por el gen *ITGA6* (2q31.1). Mutaciones en este gen puede llevar a proteínas truncas o de secuencia modificada que podrían favorecer el desarrollo tumoral y, en particular, la progresión y metástasis. El objetivo del trabajo fue diseñar cebadores por medio de estudios bioinformáticos para amplificar la región genómica de $\alpha 6$ que contiene el polimorfismo A380T y optimizar las condiciones de la técnica de la Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) para su análisis en muestras de cáncer de mama y controles. Los cebadores fueron diseñados mediante la secuencia del gen *ITGA6* de la base de datos del GenBank en el NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) y su herramienta Primer BLAST. Se tuvieron en cuenta la cantidad de bases (18-24 pb), temperaturas de hibridación cercanas (dentro de los 5° C) y contenido de G:C entre 40-60 %. Los parámetros ensayados para la optimización de la PCR fueron: concentración de MgCl₂, temperatura de hibridación (T_m) y las condiciones de ciclado. Los cebadores diseñados con Primer BLAST mostraron parámetros acordes con las características buscadas y fueron eficientes para la amplificación de la región genómica de *ITGA6* que contiene el polimorfismo A380T y se logró optimizar la técnica de la PCR con 1,5mM de MgCl₂, 5pmol de cada cebador y una T_m de 58° C. La técnica optimizada permitirá mediante RFLP (Polimorfismo de Longitud de Fragmentos de Restricción), analizar la relación del polimorfismo A380T de la integrina $\alpha 6$ con el desarrollo de cáncer de mama en muestras clínicas.

ESTUDIO DE LAS MUTACIONES HOTSPOT EN EL GEN PIK3CA: ESTANDARIZACIÓN DE LA PCR Y SELECCIÓN DE ENZIMAS

Marks MP¹, KB Acosta¹, MM Tibolla², PD Zapata¹. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología Misiones (InBioMis) - FCEQyN, UNaM, ²Cátedra de Bioquímica Clínica III, FCEQyN – UnaM.
e-mail: paula.marks@hotmail.com

La mayoría de las mutaciones encontradas en el gen *PIK3CA* residen en regiones denominadas *hotspots* y resultan en formas oncogénicas con actividad quinasa elevada. El presente trabajo tiene como objetivo estandarizar la técnica de la Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) y seleccionar enzimas de restricción para el estudio de las mutaciones hotspot E542K y E545K en el gen *PIK3CA* en muestras de pacientes con cáncer de mama. Para la optimización de la técnica se utilizaron muestras de ADN extraídas de biopsias de carcinoma mamario mediante el método de *salting out* modificado (TEC/SDS) y se utilizaron los cebadores descritos por Fendri *et al.*, 2009. Se ajustaron los valores de MgCl₂ y la concentración de cada uno de los cebadores así como las condiciones de ciclado. Las enzimas de restricción para el estudio de las mutaciones fueron seleccionadas utilizando el programa *NEBcutter V2.0* disponible en línea (<http://tools.neb.com/NEBcutter2/>). Se ha logrado estandarizar la técnica de PCR bajo las siguientes condiciones: 5pmol de cada cebador, 3,5mM de MgCl₂ y una temperatura de hibridación de 62° C. Para el análisis de las mutaciones E542K y E545K, los productos de PCR serán sometidos a una digestión con las enzimas de restricción *Hpy188I* y *TspRI*, respectivamente. Ambas mutaciones alteran el sitio de restricción de estas enzimas, de esta manera la digestión de los productos manifestará la ausencia de las mutaciones estudiadas. El análisis de los datos obtenidos permitirá evaluar si existe asociación entre estas mutaciones y el riesgo de desarrollo de cáncer de mama.

ESTUDIO MOLECULAR DEL PROTOONCOGEN RET EN FAMILIAS CON NEOPLASIA ENDOCRINA MÚLTIPLE TIPO 2 (MEN2)

Visich A¹, N Gonza², M Plaza de Rivero³, M Nallar⁴. ¹Laboratorio de Genética, Fundación BIOGEN, ²Hospital de Endocrinología Arturo Oñativia, ³Fundación BIOGEN, ⁴Hospital de Endocrinología Arturo Oñativia.
e-mail: avisich@biogen.org.ar

Se han descrito distintas mutaciones del protooncogen Ret en todas las formas clínicas del MEN2 (MEN2A, MEN2B y el CMTF). Algunas causan tumores medulares de tiroides muy agresivos, mientras que otras se asocian a una presentación más leve y quienes las poseen podrían controlarse y tratarse más adelante. Estudios de correlación genotipo-fenotipo brindan conocimiento para personalizar el tratamiento de cada paciente acorde a su mutación específica. Describimos los hallazgos genéticos en 3 flias con MEN2A (10, 8 y 6 miembros) y 1 con CMTF (4 miembros), a partir de la identificación de la mutación en el caso índice. Para el análisis molecular se amplificaron por PCR los exones 10 y 11 del protooncogen RET y se digirieron los productos con enzimas de restricción (RFLP). Estudiamos en total 23/28 individuos e identificamos las mutaciones C609R, C634R y C634Y. En 1 flia MEN2A (C609R), 3 niños resultaron portadores: 2 con calcitonina aumentada que ya fueron tiroidectomizados (8 y 11 años) y el 3ro tiene programada su intervención (5 años). En la flia MEN2A (C634R), 4/8 hermanos fueron +, presentando sintomatología 3. En la flia MEN2A (C634Y), 2 niños + fueron tiroidectomizados (12 y 6 años). La mutación C634Y en la flia CMTF fue encontrada en los 4 miembros estudiados, 2 de ellos asintomáticos. Los estudios moleculares resultaron fundamentales para confirmar la naturaleza de la enfermedad, la detección temprana de individuos portadores y la aplicación de un tratamiento preventivo (tiroidectomía) en los pacientes positivos para mutaciones del protooncogen RET.

ESTUDIOS MOLECULARES EN GENES DE RIESGO EN PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA

Gautier M¹, P Jablonski¹, L Alterman¹, M Reynoso², L Nuñez³, R Valdez⁴, D Montoya⁵, J Schiaffi⁶, R Cerretini¹. ¹Centro Nacional de Genética Médica, ²Hospital Interzonal de Agudos Evita de Lanús, ³CEMIC, ⁴Hospital Militar Central ⁵Hospital de Oncología Angel Roffo, ⁶Hospital Bernardino Rivadavia.
e-mail: marienescribime@hotmail.com

El cáncer de mama (CM) es una enfermedad compleja y heterogénea de etiología multifactorial. El objetivo del trabajo fue analizar por PCR-RFLP y secuenciación la presencia de variantes genéticas (VG) de riesgo asociadas a CM con el fin de aportar al conocimiento de la epidemiología genética local. Se estudiaron los genes TP53, MDM2 XRCC3, XRCC1, RAD51 y XPD de baja penetrancia, Chek2 de moderado riesgo n= 195 y BRCA1/2 de alta susceptibilidad al CM n= 132. Nuestros resultados muestran una asociación significativa entre la presencia de A) los alelos TP53 IVS6/A OR: 2,09 (1,20-3,67) y TP53 IVS3 ins16pb OR: 211 (1,22-3,64) y CM con historia familiar (HF); B) XRCC3 (Thr241Met) OR:1,96 (1,29-2,99) y OR:211 (1,39-3,21) y XPD (Lys751Gln) OR:1,71 (114-2,56) y OR:1,71 (114-2,56) y CM con /sin HF. C) XRCC1 (Arg399Gln) OR:1,54 (1,04-2,30) y CM con HF. Las VGs CHEK2 1100delC, CHEK2IVS2+1G>A y CHEK2 Ile157Thr (430 T>C) no se han encontrado en nuestra población de estudio. Las VGs 187_188 delG (12/32); 5385_5386 ins C (12/32) en BRCA1 y 6174 delT (9/32) en BRCA2 fueron encontradas en 32/132 pacientes de la etnia judía con CM y /o Cáncer de Ovario. Una paciente fue un compuesto heterocigota 187_188 delG y 6174 delT. Las diferencias étnicas determinan distintas susceptibilidades a la carcinogénesis por lo que seguir investigando en VGs de riesgo en CM desconocidas en nuestra población resulta de importancia.

ALUPATÍAS: CARACTERIZACIÓN DE UNA DELECIÓN DEL EXÓN 10 DEL F8 INVOLUCRANDO A UN ALU COMO CAUSA DE HEMOFILIA A SEVERA.

Abelleyro MM, LC Rossetti, CP Radic, VD Marchione, M Candela, IB Larripa, CD De Brasi. Laboratorio de Genética Molecular de la Hemofilia, IMEX, CONICET-Academia Nacional de Medicina, Argentina.
e-mail: cdebrasi@hematologia.anm.edu.ar

Las grandes deleciones del gen del factor VIII (*F8*) representan 8-15 % de las hemofilias A (HA) severas (s). En HA, aunque fueron caracterizadas pocas grandes deleciones con sus puntos de ruptura, pudieron involucrarse mecanismos de recombinación homóloga, entre secuencias repetidas, y no-homóloga. Este trabajo presenta la caracterización molecular completa de una gran deleción del *F8* detectada en un paciente con HAs por ausencia consistente de amplificación del exón 10. La amplificación por PCR de larga distancia desde el exón 9 al 11 sobre muestra de la madre del paciente mostró dos productos, el alelo normal predicho 9,419kb y el mutado, 6,2kb (la muestra del paciente no presentaba calidad suficiente para amplificación >2kb). El análisis de restricción múltiple del alelo mutado permitió diseñar *primers* en el IVS9 e IVS10 para la amplificación estándar de la deleción en muestras del paciente y su madre. La secuenciación del producto del alelo mutado (987bp) permitió caracterizar una deleción de 3147bp (ChrX:154190654-154187507). La ruptura 5'-IVS9 involucra un residuo de un elemento LINE/L2 y la 3'-IVS10, un elemento AluJb casi completo y sólo presenta microhomología en los extremos comunes AATTT indicando un mecanismo de recombinación no-homóloga. La recurrencia de elementos Alu en las rupturas asociadas a grandes rearrreglos genómicos (por recombinación homóloga o no-homóloga) confirmada en nuestro paciente con HAs sugiere reenfoque la investigación *in vitro* de los mecanismos involucrados sobre estas repeticiones abundantes en el genoma humano (n= 10⁶).

GGM 25

ANÁLISIS FUNCIONAL DEL GEN HUNCHBACK DE *Rhodnius prolixus*, VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS

Rolandelli A¹, A Lavore¹, R Rivera Pomar^{1,2}. ¹Centro de Bio-investigaciones (UNNOBA-CIC), ²Centro Regional de Estudios Genómicos (UNLP).

e-mail: alavore@gmail.com

El estudio de expresión y función de los genes de desarrollo involucrados en la determinación temprana del eje antero-posterior de embriones es crucial para el entendimiento de los eventos morfogénicos que culminan en la formación del patrón corporal de los organismos. Dentro de los genes con implicancias en el desarrollo embrionario, los genes gap son los responsables de la correcta formación de grandes dominios corporales a lo largo del eje antero-posterior del insecto. En este trabajo caracterizamos estructural y funcionalmente del ortólogo del gen gap Hunchback (Hb) en *R. prolixus*, insecto vector de la enfermedad del Chagas. Se identificó una unidad de transcripción que codifica para el factor de transcripción Hb el cual consta de 651 aminoácidos. Este posee 8 dominios de unión al ADN de tipo zinc finger y 4 dominios box característicos de la familia de proteínas Hb con alta similitud de secuencia con otros ortólogos del gen Hunchback. Se estudió la función de Hb-Rp mediante ARNi parental. Los fenotipos generados por la disminución en la expresión del gen mostraron defectos que afectan la región abdominal, donde se produce una marcada compactación y pérdida de segmentos en la región posterior del embrión; y por el otro, en la región anterior, pérdida del primer segmento torácico, apéndices torácicos deformados y ausencia de apéndices en los segmentos gnatales. La pérdida de regiones corporales y las deficiencias en la correcta formación de los segmentos cercanos a las deleciones, corrobora que el gen Hb-Rp actúa como un verdadero gen gap en la región cefálica y abdominal.



GMA

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

CORTES VALIOSOS, GRASA ABDOMINAL Y RENDIMIENTO A LA FAENA EN HÍBRIDOS EXPERIMENTALES DE POLLO CAMPERO

Dottavio AM^{1,3}, ZE Canet^{1,2}, SA Advínculo¹, A Martines¹, JE Librera¹, RJ Di Masso^{1,3}. ¹Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de Rosario, ²INTA Pergamino, ³CIC-UNR. e-mail: quiyen78@hotmail.com

Se evaluó el peso de la pechuga con hueso, el peso de pata-muslo, el peso del panículo adiposo abdominal (estimador del contenido de grasa corporal) y el rendimiento a la faena en 15 cruzamientos experimentales derivados de estirpes de razas pesadas (Cornish Blanco) y semipesadas (Rhode Island Red y Plymouth Rock Barrado) o de poblaciones sintéticas (A, CE, DE, E, ES y AH') existentes en el Núcleo Genético de la EEA INTA Pergamino, propuestos como potenciales alternativas al pollo Campero INTA. La comparación de los pesos de los cortes valiosos y del panículo graso se llevó a cabo al mismo peso corporal eviscerado promedio. No se observaron diferencias entre las aves derivadas del cruzamiento entre estirpes (E) o entre sintéticas (S) en proporción de pechuga (E: 26,8-28,7%; S: 261-281%), proporción de pata-muslo (E: 14,8-15,8%; S: 14,5-16,3%) y rendimiento a la faena (E: 701-73,5%; S: 721-73,8%). Los cruzamientos entre sintéticas tendieron a presentar mayor proporción de grasa (E: 1,42-2,20%; S: 2,31-3,33%). Todos los grupos se presentan como alternativas posibles a Campero INTA en términos de los caracteres evaluados. Los cruzamientos entre estirpes presentan menor tasa de crecimiento y mayor edad mediana al peso objetivo de faena de 2500g (E: 72,5-100,5 días; S: 59-69,5 días). La mayor velocidad de crecimiento de los cruzamientos entre sintéticas obliga a faenarlos a mayor peso para cumplir con la exigencia del protocolo de pollo campero en cuanto a la edad de faena (75-90 días) lo que implicaría una deposición aún mayor de grasa.

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA PARA PRODUCCION DE LECHE, GRASA Y PROTEÍNA EN OVEJAS PAMPINTA

Stazionati MF^{1,2}, MR Buseti¹, I Gigli², DO Maizon¹. ¹INTA, EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", ²UNLPam, Facultad de Agronomía. e-mail: stazionati.micaela@inta.gob.ar

Con el objetivo de estimar los componentes de varianza para producción (PL) y composición de leche: grasa total (GT) y proteína total (PT) en ovinos Pampinta, se utilizó registros de controles lecheros (CL) del período 2010-2013. Se contó con la producción acumulada a 180 días (calculados según ICAR, con un mínimo de 3 CL) de 191 ovejas, con registros para PL, GT, y PT, y con un pedigrí de 804 ovinos, con ancestros que conectaban dos o más individuos. Los componentes de varianza se estimaron mediante el algoritmo EM-REML, con el programa WOMBAT, empleando modelos bivariados. Se ajustaron los efectos fijos: edad de la oveja en años (1 a 5), número de pezones (1, 2), número de cría destetada (0, 1, 2+), e intervalo parto-primer control (3 niveles, 1-45; 46-70; y 71-100 días post parto) y los efectos aleatorios: año-mes de parto (8), componente permanente por observaciones repetidas (191), y animal (804). Las heredabilidades estimadas fueron 0,12; 0,20 y 0,22 para PL, GT, y PT, respectivamente. Las estimaciones de correlaciones genéticas resultaron todas positivas: 0,21; 0,44; y 0,58 para PL con GT, PL con PT, y GT con PT respectivamente. Estos resultados indicarían que mediante un índice de selección se podría mejorar estas características, aumentando tanto la producción como la composición, con lo cual aumentaría el rendimiento quesero. Esto último es sumamente importante dado que la casi totalidad de la leche ovina en Argentina, se destina a producción de queso.

ASOCIACIÓN DE UN PANEL DE MARCADORES MOLECULARES CON VARIABLES PRODUCTIVAS EN HEMBRAS ANGUS

Corva PM¹, A Almada², MC Baeza¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias U.N.M.D.P., ²MERIAL Argentina S.A.
e-mail: pcorva@balcarce.inta.gov.ar

Están disponibles en la actualidad paneles de marcadores moleculares para la selección asistida en bovinos para carne, que deben ser evaluados en el país. Con este fin, se analizaron 401 vacas de un plantel Angus Controlado de la provincia de Buenos Aires con un panel de 384 SNP asociado a 21 variables productivas. Para cada variable, de acuerdo al genotipo del animal se asignó un valor génico molecular (VGM) determinado por los efectos de sustitución de cada marcador. En este caso se analizó el peso vivo y la condición corporal registrados en septiembre/noviembre de 2011 (pre-servicio), abril de 2012 (tacto) y julio de 2012 (pre-parto). Las variables se analizaron con modelos lineales, utilizando el procedimiento "Proc Mixed" de SAS, que incluían a los VGM en la forma de grupos definidos por cuartiles y otros efectos fijos según correspondiera. Se utilizó el criterio de "False Discovery Rate" (FDR) para tener en cuenta el efecto de comparaciones múltiples. Hubo asociaciones significativas de los marcadores con peso vivo pero no con condición corporal. La reducción en la varianza residual al incorporar el efecto de marcadores en los modelos de análisis fue como máximo de 11%, con un promedio de 4%, aproximadamente. El panel de marcadores detectó diferencias entre hembras y podría ser de utilidad integrado con otras herramientas para la evaluación genética.

EFFECTO DE BIOTIPO Y DE MARCADORES MOLECULARES SOBRE LA GRASA INTRAMUSCULAR EN BOVINOS

Papaleo Mazzucco J¹, DE Goszczynski^{2,3}, EL Villarreal¹, MV Ripoli², LM Melucci¹, A Rogberg-Muñoz^{2,3}, CA Mezzadra¹, G Giovambattista².
¹Unidad Integrada INTA Balcarce-FCA, UNMdP, ²Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata - CONICET - Fac. Cs. Vet., UNLP, ³Becario Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
e-mail: jpapaleo@balcarce.inta.gov.ar

El contenido de grasa intramuscular (GIM) y su perfil lipídico contribuyen al *flavor* y jugosidad de la carne cocida. Los SNPs ubicados en los genes FABP4 (I74V), DGTA1 (K232A) y TG (Promotor) influirían en la deposición de grasa intramuscular. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de la raza o cruce y de los SNPs en la GIM y el perfil lipídico de la carne de novillos engordados en pastoreo, con suplementación estratégica invernal. Se utilizaron 179 muestras de *L. dorsi* a la altura de la 12^a-13^a costilla, provenientes de 29 Angus (A), 15 Hereford (H), 19 AH, 16 HA, 12 A.HA, 17 A.AH, 11 H.HA, 12 H.AH, 16 HA.HA, 10 AH.AH, 12 L.HA y 10 L.AH (L=Limousin), nacidos en 2006, 2008 y 2009. Los datos fueron analizados con un modelo lineal que incluyó la fecha de faena, la cruce y los marcadores como efectos fijos. Se incluyó la covariable GIM para la evaluación de los ácidos grasos. Se detectó efecto de fecha de faena para GIM y en casi la totalidad de los ácidos grasos evaluados. La cruce tuvo efecto sobre la GIM y el ácido láurico. El marcador TG presentó diferencias en los ácidos mirístico, palmitoleico y esteárico, DGAT1 en el ácido docosahexaenoico y FABP4 en el ácido heptadecanoico. Se concluye que, para esta muestra y en las condiciones de producción típicas de nuestro país, el efecto de los marcadores se evidencia principalmente en la composición de ácidos grasos, más que en la GIM. Un incremento del tamaño de muestreo podría permitir la detección asociaciones adicionales, como las ya detectadas en otras condiciones productivas.

GMA 5

ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD PARA DIFERENTES VARIABLES CALCULADAS A PARTIR DEL SCORE DE CÉLULAS SOMÁTICAS.

Nani JP¹, AF Amadio², M Vera¹, MA Poli³, LF Calvinho¹. ¹INTA, EEA Rafaela, ²CONICET, INTA, EEA Rafaela, ³IGEAF, INTA Castelar.
e-mail: nani.juan@inta.gob.ar

En bovinos de leche, el RCS (recuento de células somáticas) es un método de diagnóstico indirecto correlacionado positivamente con la respuesta inflamatoria de la glándula mamaria y está asociado con la salud mamaria. EL RCS es transformado a “Score” de células somáticas (SCS) para ser evaluado dado que existe una alta correlación entre el SCS y la mastitis. A fin de aplicarse en posteriores estudios de asociación y en programas de mejoramiento, se estimaron componentes de varianza genética y heredabilidades del SCS, provenientes de controles lecheros oficiales de 4587 vacas Holando y Holando x Jersey pertenecientes a 14 tambos comerciales del centro de la provincia de Santa Fe. Las variables respuesta fueron: media aritmética (AM), media geométrica (GM), valor máximo (MAX) y promedio de los 3 valores más altos (TOP3). En la estimación de los componentes de varianza se utilizó un modelo animal, utilizando WOMBAT. Se ajustaron dos modelos: con medidas repetidas en sucesivas lactancias y con registros únicos. Las heredabilidades obtenidas para el modelo de lactancias únicas fueron: $0,042 \pm 0,018$; $0,035 \pm 0,015$; $0,013 \pm 0,009$ y $0,028 \pm 0,014$ para AM, GM, MAX y TOP3 respectivamente, mientras que en el modelo con medidas repetidas fueron: $0,039 \pm 0,015$; $0,033 \pm 0,014$; $0,01 \pm 0,007$ y $0,024 \pm 0,011$ para AM, GM, MAX y TOP3 respectivamente. Las heredabilidades halladas estuvieron dentro de lo esperado según bibliografía publicada al respecto. Estos resultados permiten conocer las características genéticas de la población y brinda las herramientas para futuros estudios.

GMA 6

PCR-RFLP DE MARCADORES MOLECULARES DE TERNEZA DE CARNE EN BOVINOS DEL NORESTE ARGENTINO

De Biasio MB, LR Jara, FA Jastrzebski, MS Pino, GL Sandoval. Cát. de Bioquímica, Fac. de Cs. Veterinarias, UNNE. Corrientes. Argentina.
e-mail: glsandoval@vet.unne.edu.ar

La ventaja de la selección de padres asistida por marcadores moleculares es que se efectúa *in vivo*. El sistema calpaína-calpastatina incluye a la calpaína con dos isoformas ubicuas (M y m). Las calpastatinas son los moduladores enzimáticos endógenos de calpaínas; siendo degradadas por ellas. Se detallan aquí los resultados del análisis de un polimorfismo en el gen para calpaína (CAPN) y dos en el correspondiente a calpastatina (CAST), mediante PCR-RFLP, efectuado sobre muestras de bovinos Braford y Brahman puros de tres establecimientos de Chaco (Cha, n= 52) y uno de Corrientes (Corr, n=30). Se extrajo ADN genómico (CTAB) de sangre anticoagulada, usándose como molde para la amplificación de regiones de interés del gen. CAPN2 produjo fragmentos de 1800pb, que fueron digeridos por la enzima HhaI (Lara *et al.* 2005), CAST-S (Juszczuk-Kubiak *et al.* 2004) y CAST-C (Curi *et al.* 2009) produjeron amplicones de 624 y 269pb y se analizaron los productos de restricción con Alu I y Dde I. Para verificar la amplificación y los productos de restricción se usó electroforesis y transiluminación UV de geles de agarosa teñidos con bromuro de etidio. La frecuencia proporcional promedio para los alelos tiernos de CAPN y CAST (S y C) fue respectivamente de 25 a 41,7; 41,7 a 65 y 50 a 69% para Cha y de 0 a 37,5; 571 a 75 y 50 a 87,5% para Corr. Hubo diferencia muy significativa entre las frecuencias de alelos tiernos de CAPN entre ambas provincias (Cha > Corr, $p < 0,001$) pero no para CAST. La frecuencia de alelos tiernos de CAPN correlacionó con el grado de cruzamiento Brahman x Hereford ($p < 0,05$).

GENES ASOCIADOS A CAPACIDAD DE RETENCIÓN DE AGUA EN CRUCES ROMOSINUANO-BRAHMAN Y BON-BRAHMAN – COLOMBIA

Jiménez Robayo LM¹, JD Leal Gutiérrez¹, MF Ariza Botero¹, C Manrique Perdomo¹, J López Vargas¹, N García¹, C Bedoya¹, Y Pinilla¹, M Ríos¹, S Castro¹, Y Ortiz¹, A Jiménez². ¹Departamento de Ciencias de la Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. ²Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Cebú. ASOCEBÚ, Colombia. e-mail: lmjimenezr@unal.edu.co

La Capacidad de Retención de Agua (CRA) es uno de los parámetros más importantes de la carne, dada su asociación con la percepción de jugosidad y la pérdida de peso de la pieza cárnica durante procedimientos como la maduración, la cocción y otro tipo de procesamiento tecnológico. Los genes del sistema CAPN1-CAST y el gen PRKAG3 son algunos de los genes candidato más importantes en estudios de asociación con parámetros de calidad cárnica como la CRA. En 128 machos castrados cruzados se realizó la genotipificación de los marcadores CAPN530, CAPN4751, CAPN5331, PRKAG3-2961 y PRKAG3-3078 y se evaluó la CRA en carne cruda mediante la técnica de presión sobre papel filtro, en carne proveniente de los músculos *Longissimus dorsi* y *Semitendinosus*. En el músculo *Longissimus dorsi*, el marcador PRKAG3-3078 (alelo benéfico = GG) se estableció como asociado a la CRA, convirtiéndolo en uno de los polimorfismos potencialmente útiles en procesos de selección animal y mejoramiento de este parámetro de calidad cárnica. El marcador CAPN5331 interactuó con el tiempo de maduración *post-mortem*, presentándose las mayores pérdidas de CRA en carne de animales con el genotipo AT, cuando es madurada a 21 días. La asociación fenotipo-genotipo en el músculo *Semitendinosus* para el parámetro CRA en carne cruda no se pudo establecer. Los polimorfismos PRKAG3-3078 y CAPN5331 son potencialmente importantes en estudios de asociación fenotipo-genotipo y deben ser considerados en procesos de validación con poblaciones no relacionadas y de mayor número en Colombia.

DESARROLLO EFICIENTE DE UNA VACUNA A SUBUNIDAD BASADA EN PLANTAS TRANSGÉNICAS DE ALFALFA CONTRA EL VDVB

Gómez MC¹, MS Pérez Aguirreburualde², G Piparola¹, F Ardila¹, G Albanesi², A Wigdorovitz², MJ Dus Santos². ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA – Castelar, ²Instituto de Virología, CICVyA, INTA – Castelar. e-mail: cgomez@cni.inta.gov.ar

El virus de la diarrea viral bovina (VDVB) está distribuido mundialmente y causa importantes pérdidas económicas, siendo la vacunación el medio más eficaz para su prevención. La utilización de vacunas convencionales para este virus presenta la dificultad de conferir la protección adecuada. La utilización de plantas transgénicas para la expresión de proteínas heterólogas ha sido ampliamente reportada siendo una limitación importante los niveles de expresión alcanzados. En nuestro grupo se desarrolló una vacuna a subunidad basada en plantas transgénicas de alfalfa que expresan una versión truncada de la glicoproteína E2 del VDVB fusionada a un anticuerpo de cadena sencilla (APCH-E2t) bajo control del promotor del virus del mosaico de la mandioca (CsVMV) que presenta mayor actividad transcripcional que el promotor 35S. Para optimizar el rendimiento de las plantas transgénicas se utilizó un sistema de partición de dos fases para la concentración de la proteína expresada en las plantas de alfalfa. Después de evaluar en animales la inmunogenicidad de la proteína recombinante así obtenida se demostró la factibilidad del escalado en la producción de la misma, teniendo en cuenta protocolos de normalización de procesamiento. El uso de estas herramientas simples y económicas, permitiría desarrollar vacunas seguras a un coste asequible para las aplicaciones veterinarias. El mayor nivel de expresión aumenta la viabilidad comercial del proceso descrito para la formulación de la vacuna, lo que mejora las posibilidades de transferencia a la industria.

BÚSQUEDA Y SELECCIÓN DE SNPS EN GENES CANDIDATOS RELACIONADOS CON PRODUCCIÓN Y CALIDAD DE LECHE

Raschia MA¹, AF Amadio², HA Carignano¹, JP Nani³, MJ Beribe¹, MA Poli¹. ¹IGEAF, INTA Castelar, ²CONICET, INTA, EEA Rafaela, ³INTA, EEA Rafaela.

e-mail: mraschia@cnia.inta.gov.ar

Se consideran genes candidatos (GCs) para producción lechera aquellos que potencialmente pueden alterar la producción o composición de la leche. Su selección se basa en conocer los procesos metabólicos y productos génicos implicados en la generación del rasgo. La selección de variantes alélicas de estos genes para ser incluidas en estudios de asociación debe considerar si las mismas pueden modificar la estructura o función de los productos génicos. Los objetivos de este trabajo fueron aplicar una metodología de selección de GCs relacionados con producción y calidad de leche en bovinos e identificar polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) en dichos genes. La selección de GCs se realizó a través de búsqueda bibliográfica en bases de datos públicas (Pubmed y QTLdb). Los SNPs de GCs se seleccionaron también mediante búsqueda bibliográfica (Pubmed, dbSNP y Bovine QTL Viewer) y además por secuenciación de regiones de estos genes en una población de animales Holando, Jersey y cruza HxJ. La búsqueda en publicaciones sobre QTLs, genes y marcadores moleculares permitió la selección de 27 GCs de 11 cromosomas. La identificación de los SNPs reportados para cada GC (42), así como de SNPs de otros 57 genes asociados al fenotipo (77), y la detección de nuevos SNPs por secuenciación (9), permitió seleccionar 128 SNPs, pertenecientes a 84 genes distribuidos en 21 cromosomas. La genotipificación de estos SNPs de GCs en bovinos lecheros con registros fenotípicos brindará la posibilidad de realizar tests de asociación entre el rasgo de interés y variantes genéticas específicas.

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA PESO AL NACIMIENTO Y PESO AL DESTETE EN TERNEROS BRAFORD

Borelli VS, AR Jacquet. Bovinos para Carne INTA EEA Las Breñas. e-mail: vborelli@correo.inta.gov.ar

El potencial de crecimiento en bovinos para carne se encuentra determinado por el potencial genético propio del animal y por el ambiente que le brinda su madre. En el mejoramiento genético bovino resulta de particular interés el cálculo de los componentes de varianza, ya que éstos son usados para obtener las heredabilidades, respuesta a la selección, etc. El objetivo de este trabajo fue estimar los componentes de varianza de caracteres de crecimiento predestete (directos y maternos) en una población Braford 3/8. Se analizó la población Braford 3/8 de la EEA Las Breñas, Chaco, con 878 registros de peso al nacer y peso al destete de animales nacidos entre los años 2005 y 2010, el archivo incluyó a todos los animales con registro completo y sus progenitores. Las estimaciones de componentes de varianza se realizaron ajustando un modelo lineal mixto mediante el estimador de máxima verosimilitud restringida (REML) del software InfoStat (2009). El modelo incluyó las siguientes variables: efectos fijos: año de nacimiento, sexo y mes de nacimiento; y efectos aleatorios: PN (peso al nacimiento), PD (peso al destete), PMN (peso de la madre al nacimiento) y PMD (peso de la madre al destete); el modelo ajustado cumplió con los supuestos distribucionales. Resultados: varPN:2.31; varPD:46.66; varPMN:21.16 y varPMD:7.71, las heredabilidades fueron: h^2 PN:0.18 y h^2 PD:0.26. Estos resultados muestran una gran variabilidad genética en los caracteres estudiados, la cual puede ser empleada para lograr una respuesta favorable a la selección.

CARACTERIZACIÓN DE SUSCEPTIBILIDAD / RESISTENCIA A SCRAPIE EN OVINOS PAMPINTA

Maizon DO¹, NG Porta², MF Stazionati¹, GB Pinto², I Gigli³. ¹INTA, EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", Anguil, LP, ²INTA, Lab. Ref. OIE para EETs - CICVyA, Castelar, BA, ³UNLPam, Facultad de Agronomía, Santa Rosa, LP.

e-mail: maizon.daniel@inta.gob.ar

En el marco de caracterización molecular del núcleo cerrado de ovinos Pampinta de la EEA Anguil (INTA), se estudió la variabilidad del gen que codifica para la proteína priónica (PRNP). Los objetivos fueron: 1.- describir la estructura génica y genotípica del gen PRNP; 2.- estimar el porcentaje de la población en mayor riesgo para scrapie; y 3.- conocer la evolución del gen PRNP en relación a las razas de origen, 3/4 Frisona y 1/4 Corriedale, mediante los estadísticos F de S. Wright. Se trabajó con una muestra de 18 carneros, padres durante los años 2010 a 2012 de la cabaña Pampinta de la EEA Anguil; y los análisis se realizaron con el programa GENEPOP 4.2. La muestra indicaría que la población está en equilibrio Hardy-Weinberg, aunque presentó un valor de F_{IS} entre 0,05 y 0,08 indicando deficiencia de heterocigotas. Las estimaciones de F_{ST} fueron para Pampinta con Corriedale de 0,08 y con Frisona de 0,14, indicando casi no diferenciación con las mismas. El alelo con mayor frecuencia (0,72) fue ALRQ, alelo salvaje, mientras que para alta resistencia (ALRR) la frecuencia fue 0,05. La frecuencia del genotipo para alta susceptibilidad al scrapie clásico (VLRQ/VLQR) resultó muy baja (0,001) y para scrapie atípico (genotipos resultantes de combinaciones de alelos AFRQ y ALHQ) fue también baja (0,05). Estos resultados indicarían que sólo un 5%, aproximadamente, de los individuos estarían en riesgo para scrapie tanto clásico como atípico, actuando como centinelas, y que para el gen PRNP, la raza Pampinta presentaría poca diferenciación en relación a Corriedale y Frisonas.

ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS DEL GEN *NRAMP1* Y LA RESISTENCIA NATURAL A LA BRUCELOSIS EN CAPRINOS

Iacoboni PA¹, FC Hasenauer¹, ME Caffaro², A Gaido³, C Rossetto⁴, RD Neumann³, A Salatin³, MA Poli², CA Rossetti¹. ¹Instituto de Patobiología, INTA, Hurlingham, Bs. As. ²Instituto de Genética, CICVyA-CNIA, INTA, Hurlingham, Bs. As. ³EEA Salta, Cerrillos, Salta. ⁴INTA EECT Yuto, Yuto, Jujuy.

e-mail: crossetti@cnia.inta.gov.ar

Estudios previos han demostrado la influencia del gen *Nramp1* (Natural Resistance Associated Macrophage Protein 1) en la resistencia (R) o susceptibilidad (S) natural a la infección con *Brucella* spp. El objetivo de este estudio fue determinar el grado de asociación entre los polimorfismos de un microsatélite (MS) de la porción 3' no codificante del gen *Nramp1* y la resistencia natural a la infección por *Brucella melitensis* en caprinos. Para ello se recolectó sangre y pelo de 73 caprinos Criollos, no emparentados, pertenecientes a 2 hatos ubicados en la región agroecológica del Chaco Salteño. La R o S a la infección se determinó por la presencia o ausencia de anticuerpos anti-brucela mediante la prueba de polarización fluorescente. Los polimorfismos del MS se detectaron a partir de la amplificación por PCR del ADN extraído del bulbo piloso y posterior electroforesis capilar. El grado de asociación entre los fenotipos R o S y los genotipos encontrados se evaluó a través del test estadístico de Fisher. De los 73 sueros caprinos analizados, 25 fueron serológicamente positivos a brucelosis y 48 fueron negativos. El análisis genético reveló dos alelos para el MS analizado, correspondientes a GT_7 y GT_8 . El análisis estadístico mostró asociación significativa entre el genotipo homocigota GT_7 y el fenotipo R ($p < 0,02$). De confirmarse estos resultados en posteriores estudios, la selección genética podría utilizarse como una herramienta adicional para controlar y erradicar la brucelosis caprina.

PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA EFICIENCIA REPRODUCTIVA EN TAMBOS DE PARICIONES BIESTACIONADAS

Vera MM¹, MG Maciel¹, CA Mezzadra². ¹EEA Rafaela - INTA, ²EEA Balcarce - INTA.

e-mail: milba.vera@inta.gob.ar

Con el objetivo de estimar la varianza genética y la heredabilidad de la eficiencia reproductiva en vacas con un primer parto, se analizaron los datos de 2496 hembras dadas de alta a servicio artificial (S), durante los años 1963 al 2009. Se ajustó un modelo frágil de Weibull. La variable respuesta fue definida como la eficiencia en quedar preñada en los primeros 90 días de iniciado el período de servicio (IPS). Como efectos fijos, se incluyeron al modelo: edad al IPS (E), peso al IPS (P), si en el parto anterior inició lactancia o no (I), días desde el IPS y el parto anterior (DPA), año del S (A), número de S (NS), toro utilizado en cada servicio (T), producción de leche (LC), grasa (GC) y proteína (PC) al inicio y al pico de producción. Las últimas seis variables se consideraron dependientes del tiempo. Como efecto aleatorio se incluyó el padre de la vaca y se asumió una distribución normal multivariada. Los parámetros de la varianza fueron estimados en un contexto bayesiano. El 31,4% de vacas fueron censuradas. El tiempo medio en el que una vaca queda preñada es de 31 días posteriores al IPS. La chance de que una vaca quede preñada dentro de los 90 días del IPS aumenta en el tiempo (RHO= 1,65). La varianza genética aditiva fue 0,0104 y la heredabilidad 0,7%. La heredabilidad hallada fue baja lo que dificulta la posibilidad de mejorar la eficiencia reproductiva en rodeos de bovinos para leche.

CONTROL DE CALIDAD DE GENOTIPADO DEL BEADCHIP SNP50K CAPRINO EN UNA RETROCRUZA ANGORA X CRIOLLO

Cano EM¹, S Debenedetti², AF Amadio³, HR Taddeo⁴, MA Poli¹. ¹Instituto de Genética "Ewald Favret" CICVyA INTA, CC 25, B1712WAA, Castelar Argentina, ²Ministerio de Agricultura Ganadería y Pesca de la Nación, Subsecretaría de Agricultura Familiar de la Nación, CC 142, CP8430, El Bolsón, Argentina, ³INTA, EEA Rafaela, Ruta 34 Km 227 CC 22, CP2300, Rafaela, Argentina, ⁴INTA EEA Bariloche, CC 277, R8403DVZ, Bariloche, Argentina.

e-mail: mcano@cni.inta.gov.ar

La reciente disponibilidad de un microarreglo de polimorfismos de nucleótido simple (SNP) del genoma caprino incrementará la capacidad para investigar aspectos de diversidad genética y conducir estudios de asociación a nivel del genoma completo en esta especie doméstica. La calidad del genotipado es una de las propiedades clave que define el éxito de posteriores análisis estadísticos. El objetivo de este trabajo fue generar una base de datos de genotipos "limpia" a partir de una población retrocruza caprina Angora x Criollo. Muestras de ADN de 483 animales (10 abuelos, 5 padres F1, 140 madres y 328 hijos retrocruzas) fueron genotipados con el BeadChip SNP50K caprino de Illumina. El análisis de los datos fue realizado con el programa *gPLINK*. Dos criterios de filtrado fueron considerados: frecuencias alélicas mínimas (MAF) > 1% y una tasa de genotipificación \geq 90%. Posteriormente, fue estimado el número y tipo de errores mendelianos presentes en la población bajo estudio. De un total de 53347 SNPs distribuidos uniformemente a lo largo del genoma caprino, 47256 SNPs superaron los umbrales de MAF y tasa de genotipificación considerados, correspondiendo al 88% del total de SNPs testeados por el chip. La estimación de los errores mendelianos en la población fue de 0,85% y el tipo de error detectado permitió en una etapa posterior reasignar y/o eliminar individuos con parentesco dudoso. A partir de esta base de datos depurada se conducirán estudios de búsqueda de QTL/haplotipos y mutaciones causales asociadas a caracteres productivos de la fibra y a características de la piel.

ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL DE UN RODEO LECHERO USANDO UN MICROARREGLO DENSO DE SNPs

Carignano H¹, MA Raschia¹, MJ Beribe¹, A Amadio², M Miretti³, M Poli¹, D Roldan¹. ¹Instituto de Genética - CICVyA-INTA, ²INTA EEA Rafaela, ³GIGA, IBS, UNAM-CONICET.
e-mail: carignanohugo@yahoo.com.ar

Una estrategia para estudiar las bases genéticas de la susceptibilidad a enfermedades es efectuar estudios de asociación genética a nivel genómico (GWAS). Estos estudios asumen que tanto “casos” (individuos enfermos) como “controles” (individuos sanos) son muestreados en la misma población, y que las diferencias en frecuencias alélicas se deben al fenotipo. La presencia de subpoblaciones con distintas ancestrías (estratificación poblacional) en la población de mapeo, produciría asociaciones espurias. El objetivo del trabajo fue estudiar la estructura poblacional de un rodeo lechero comercial que será utilizado en un GWAS para la infección por el virus de la leucosis bovina. 898 vacas de razas Holando y HolandoxJersey distribuidas en 27 familias de medias hermanas fueron genotipadas con el Bovine 50KSNPchip. La presencia de estratificación y la asignación de individuos a clusters se evaluaron con el programa STRUCTURE, bajo un modelo de admixture, que asume que los SNP están no ligados y en equilibrio de ligamiento dentro de las poblaciones. Se seleccionaron 2644 SNPs no ligados (r^2 cercano a 0) y que cumplieran con ciertos criterios de calidad (call rate, MAF, HWE). El número de poblaciones ancestrales (K) que fueron subsecuentemente mezcladas para formar este rodeo fue estimada según Evanno et al. (2005), determinándose un K=3. Se observaron 4 subpoblaciones y se asignaron los individuos a cada subpoblación ($n_1=193$, $n_2=255$, $n_3=236$ y $n_4=241$ individuos). La identificación de estas subestructuras genéticas permitirá corregir falsos positivos en la etapa de mapeo fino.

ESTUDIO DE LAS FRECUENCIAS ALÉLICAS DEL EXÓN II DEL GEN DRB3 EN UN RODEO INFECTADO POR BLV

Carignano H¹, MJ Beribe¹, D Roldan¹, A Amadio², I Alvarez³, G Gutierrez³, MA Raschia¹, ME Caffaro¹, M Miretti⁴, K Trono³, M Poli¹. ¹Instituto de Genética - CICVyA-INTA, ²INTA EEA Rafaela, ³Instituto de Virología, CICVyA-INTA, ⁴GIGA, IBS, UNAM-CONICET.
e-mail: hcarignano@enia.inta.gov.ar

MHC bovino ha sido extensamente asociada con resistencia/susceptibilidad a enfermedades infecciosas, en particular la altísima variabilidad registrada en el exón II del gen *DRB3*2* en animales infectados con el virus de la Leucosis Bovina sero(+) y en animales sin registro de infección *DRB3*2703*, **0101*, **1101* y **0902*. La asociación entre la distribución de las frecuencias alélicas y las categorías “casos” (sero(+)) débiles y “controles” (sero(-)) se evaluó mediante el test de Fisher ($\alpha=0.05$) y dicha relación se determinó a través de *BoLA-DRB3*2703* resultó significativo (OR=0.52, $p=0.0039$). Este primer análisis indica que animales portadores de este alelo tendrían una mayor probabilidad de ser sero(-) en condiciones naturales a campo. Ulteriores estudios que definan más estrictamente a los animales sanos y el nivel de infección en los afectados e incorporen información de presencia de estratificación poblacional permitirán una mejor estimación de esta asociación

GMA 17

VARIABILIDAD GENÉTICA DEL PACÚ (*Piaractus mesopotamicus*) DEL NORESTE ARGENTINO

Preussler C¹, ME Petterson², HH Hennig³, M Ledesma⁴, MG Pacheco².
¹EEA INTA Montecarlo, Misiones, ²Instituto de Genética "Ewald A. Favret" INTA Castelar, Buenos Aires, ³AER INTA Puerto Rico, Misiones, ⁴Laboratorio de Genética, Parque Ecológico El Puma, Candelaria, Misiones.
 e-mail: mpacheco@cni.inta.gov.ar

El consumo de carne de pescado en Argentina es de 7.9kg/hab/año y se estima que en el NEA sólo el 3.2% es producido por la piscicultura de agua dulce. El pacú contribuye con un 19% en la producción total de la acuicultura argentina, siendo en cultivo el segundo en importancia luego de la trucha. Los análisis genéticos son fundamentales para monitorear la variabilidad de la especie; contribuyen a la correcta selección de progenitores, a la conformación adecuada de lotes de cultivo y a la identificación de herramientas útiles para la trazabilidad del producto. El objetivo de este estudio es validar los marcadores SSR (Single Nucleotide Polymorphisms) desarrollados para pacú, en cuanto a su potencial para identificar variabilidad genética en materiales del NEA. Para ello se analizaron alevinos y adultos provenientes de Misiones (Dpto. de 25 de Mayo, Candelaria y Apóstoles). Se ensayaron 6 SSR en 22 individuos. Todos los loci fueron polimórficos; para los 6 loci de SSR se identificaron 23 alelos diferentes con un número promedio de 3.83 alelos/locus. No existieron alelos exclusivos de origen. El número de alelos identificados es acorde a los presentados por los autores que desarrollaron los SSR, considerando el menor tamaño muestral de este estudio (33 vs 22 individuos). A través de un análisis de cluster no se identificaron grupos homogéneos correspondientes a una misma procedencia por lo que se concluye que la variabilidad está distribuida entre y dentro de orígenes. Estos 6 SSR resultan herramientas apropiadas para revelar variabilidad en muestras de pacú del NE argentino.

GMA 18

VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Varroa destructor* EN COLMENAS DE *Apis mellifera* DE ARGENTINA

Scannapieco AC¹, I Muntaabski¹, A Martínez², J Merke³, B Camacho⁴, JL Cladera¹, MA Palacio², SB Lanzavecchia¹. ¹Instituto de Genética Ewald A. Favret, INTA Castelar, ²Unidad Integrada INTA Balcarce, ³Estación Experimental Rafaela, INTA Santa Fe, ⁴Estación Experimental El Colorado, INTA Formosa.
 e-mail: ascannapieco@cni.inta.gov.ar

El principal problema sanitario que enfrenta la apicultura occidental es *Varroa destructor*, un ácaro ectoparásito que ataca los estadios larval y adulto de *Apis mellifera*. Recientemente se ha visto que el impacto de la varroosis sobre las colmenas en distintas regiones de Argentina es variable. Esta variación podría estar relacionada con diferencias genéticas entre las poblaciones de abeja, las de varroa, o ambas. Se ha descrito la existencia de 2 haplotipos (J y K) para una región del gen *citocromo oxidasa I* (COI) del ADN mitocondrial de *V. destructor*, los que infestan *A. mellifera* con distinta virulencia. Estudios previos de variabilidad genética realizados en muestras procedentes del sur de nuestro país han reportado sólo la presencia de este último haplotipo. El objetivo de este trabajo es, mediante el uso de herramientas moleculares, caracterizar genéticamente las poblaciones de *V. destructor* asociadas a colmenas de *A. mellifera* procedentes de Buenos Aires, Santa Fe y Formosa. Para ello, se realizaron extracciones individuales de ADN a partir de ácaros de cada procedencia. Se amplificó por PCR una región del gen mitocondrial COI usando primers específicos. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con las correspondientes a los haplotipos K y J descritos en bibliografía. Los resultados indican que las secuencias nucleotídicas analizadas corresponden al haplotipo K y no presentan sitios variables. Se concluye que dicho haplotipo es cosmopolita en Argentina y parece ser el único presente en nuestra región. Dado que la región génica analizada presenta baja variabilidad, es necesario el análisis de otras regiones más variables que puedan evidenciar polimorfismos y permitan diferenciar distintas poblaciones de *V. destructor* en función de su virulencia.

DETERMINACIÓN GENOTÍPICA A LA SUSCEPTIBILIDAD-RESISTENCIA AL SCRAPIE EN OVINOS DE INTA ABRA PAMPA

Porta NG², F Echazú³, A Elisei², FJ Blanco Viera¹, GB Pinto². ¹Lab. Ref. EETs de los animales, Instituto de Patobiología INTA Castelar, Pcia de Buenos Aires, ²Lab. Ref. EETs de los animales, Instituto de Virología INTA Castelar, Pcia de Buenos Aires, ³EEA INTA Abra Pampa, Pcia. Jujuy.
e-mail: nporta@cnia.inta.gov.ar

Se analizó un grupo de ovinos de diferentes razas pertenecientes a la majada de la EEA INTA Abra Pampa, Jujuy, y se amplificó parte de la región codificante del gen que codifica para la proteína priónica (PRNP). Su polimorfismo está asociado a la susceptibilidad / resistencia a adquirir Scrapie, esta enfermedad pertenece al grupo de las encefalopatías espongiformes transmisibles (EET). Las razas analizadas fueron Merino, Corriedale y Manchego (3, 7 y 13 animales respectivamente). Se purificó DNA genómico a partir de muestras de sangre con anticoagulante. Con el producto obtenido, se amplificó una región de 317 pb correspondientes al gen PRNP. Los genotipos resultantes fueron: 3 ALRQ/ALRQ para la raza Merino; 2 ALRQ /ALRQ; 2 ALRR/ALRQ; 2 AFRQ/ALRQ y una ALHQ/ALRQ para la raza Corriedale; mientras que para la raza Manchego 7 fueron ALRQ/ALRR y 6 ALRQ/ALRQ. De esto se desprende que en todos los animales hay, al menos, un alelo “salvaje” al Scrapie Clásico (ALRQ) y 11/23 muestras son de genotipo ALRQ/ALRQ; mientras que los individuos que portan al menos un alelo ALHQ o AFRQ se encuentran asociados a la susceptibilidad al Scrapie “atípico”. Estos individuos actuarían como posibles centinelas para scrapie en el NOA Argentino. Estas observaciones, junto con el resultado negativo de casi 12.500 cerebros de ovinos que han sido analizados a través del “Programa de Vigilancia de las EET” por histopatología, inmunohistoquímica y/o por Western Blotting para la detección de la proteína patogénica PrP^{Sc}, soportan el status sanitario de riesgo insignificante para EEB (OIE) a la Argentina.

ALEATORIEDAD DE LA APTITUD, CARGA GENÉTICA Y PRODUCCIÓN EN LÍNEAS DE RATONES SELECCIONADAS POR PESO

Oyarzabal MI. Cátedra de Producción Bovinos para Carne, Facultad de Ciencias Veterinarias, CIC-UNR. Argentina.
e-mail: moyarزاب@unr.edu.ar

Cuando se realiza selección a largo plazo, la caracterización de la evolución de los caracteres permite predecir su comportamiento futuro y la presencia de componentes aditivas. Puede llevarse a cabo mediante el cálculo de las autocorrelaciones que estiman la asociación entre generaciones (G). En dos pares de líneas de selección divergente para peso (s y h: negativas; s' y h': positivas), derivadas de una población testigo no seleccionada (t), fundadas y criadas en la Fac. de Cs. Veterinarias - UNR, se estimaron las autocorrelaciones a lo largo de 60 G, por línea. Los caracteres considerados fueron: peso (P), aptitud biológica (CAP, incluye fertilidad, sobrevivencia y % de pariciones), carga genética matemática con respecto a t (CG) y producción (EPR). Las autocorrelaciones de P fueron significativamente distintas de cero hasta $k \geq 3$ ($p < 0,05$) para las líneas seleccionadas, son series con tendencia, debido a la respuesta a la selección realizada. Pero las autocorrelaciones de CAP, CG y EPR (a excepción de $r_1(\text{CAP})$ y $r_1(\text{CG})$ en s) fueron estimaciones de cero, demostrando que las evoluciones de estas variables son series aleatorias y, por lo tanto, no siguen un modelo predecible ni presentan componentes aditivas. Las autocorrelaciones de primer orden de la población testigo fueron positivas y significativas ($p < 0,05$) para P, CAP y EP, interpretándose como componentes aditivas que se mantienen en esta población. Estas componentes aditivas se han perdido durante el proceso de selección y endocria realizado en las líneas seleccionadas.

GMA 21

GENÓMICA COMPARADA Y ANOTACIÓN DE GENES DE SEGMENTACIÓN EN *Rhodnius prolixus* (HEMIPTERA, REDUVIDAE)

Carnovale C¹, A Asad¹, C Carreres¹, V Chari¹, E Fesseri¹, MS Llanes¹, N Palacios¹, OA Pérez-Orco¹, M Piccione¹, G Ruiz¹, M Sagua¹, M Salinas¹, M Santalla¹, R Rivera Pomar y A Lavore^{1,2}. ¹Universidad del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), ²Centro de Bio-investigaciones (UNNOBA).

e-mail: ceci_fe24@hotmail.com

Durante el desarrollo temprano de los artrópodos actúan genes que determinan la correcta formación del eje antero-posterior del organismo, los genes de segmentación. Estos, son los genes de efecto materno, *gap*, *pair-rule* y los de polaridad de segmentos, los cuales se organizan de forma jerárquica. Aprovechando que el genoma de *R. prolixus* ha sido completamente secuenciado, y como parte del esfuerzo por anotar los genes conservados en distintas vías metabólicas, hemos identificado y anotado varios genes de segmentación. Por medio de búsquedas iterativas en bases de datos, identificación de secuencias en la base datos Vectorbase (www.vectorbase.org) y definición de la región del genoma ocupada por cada uno de los genes, identificamos y notamos los ortólogos de *Drosophila melanogaster* en *Rhodnius prolixus* para los genes *empty-spiracles*, *forkhead*, *tailless*, *buttonhead*, *collier*, *cap'n collar*, *knirps*, *even skipped*, *crocodile*, *sloppy paired*, *huckebein*, *Notch* y *Delta*. Para la anotación se utilizó el software Artemis y la estructura de cada gen se corrigió en función de similitudes con ortólogos de insectos. Por otro lado se realizó un análisis filogenético de cada uno de los genes identificados para determinar si la evolución de cada gen se ajustaba a la evolución del clado insectos. Nuestros estudios de genómica comparada indican que los genes de segmentación están altamente conservados en insectos y que los genes han evolucionado rápida e independientemente sin perder sus características funcionales.



GMED

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA MÉDICA

ADRENOLEUCODISTROFIA LIGADA AL X - EXPRESIÓN BIALÉLICA DE ABCD1 EN PORTADORAS DE UNA MICRODELECCIÓN

Dvoráková L¹, ASA Alvarez Sanguedolce², CM Correa², F Tamagnini², RD Carrero Valenzuela². ¹Ústav didiěných metabolických poruch, lékařské fakulty Univerzity Karlovy a Všeobecné Fakultní Nemocnice v Praze, Praha, Ěeská Republika., ²Orientación Genética, Departamento Biomédico de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán. Av. Kirchner 2100, 4000-Tucumán, Argentina. e-mail: roque.carrero@gmail.com

La adrenoleucodistrofia ligada al X (X-ALD, MIM 300100) se debe a mutaciones en ABCD1, entre ellas una microdelección familiar hallada en Tucumán. OBJETIVOS: Detectar y cuantificar la expresión aleoespecífica de ABCD1 a nivel del ARNm en dos portadoras heterocigotas de c. 1422_1426delCATCT. METODOLOGÍA: Previo consentimiento informado, se obtuvo sendas muestras de sangre de las voluntarias, madre y hermana respectivamente del propósito afectado, ambas aún asintomáticas. Se fraccionó las muestras mediante centrifugación en gradiente de Ficoll-Hypaque (tubos CPT®). El ARN fue extraído orgánicamente utilizando Trizol® de la fracción enriquecida para células mononucleares, retrotranscripto y amplificado utilizando un cebador fluorescente. Finalmente, se cuantificó los productos alélicos difiriendo entre sí por 4 pares de nucleótidos con un Capillary Sequencer 3500xL (Applied Biosystems-Life Technologies, Carlsbad, CA, USA). RESULTADOS: Se detectó expresión de los dos alelos a nivel del ARNm. La concentración de ambos productos resultó aproximadamente igual en la madre, mientras que en la hija predominó francamente el producto mutante. DISCUSIÓN: Los resultados reproducen en una sola familia lo ya descrito en portadoras de X-ALD, esto es, que es común encontrar expresión preferencial del alelo mutante. Pero también evidencian que es posible que ambos alelos se expresen por igual. Estamos investigando si tales diferencias se correlacionan o no con la inactivación del X. Este trabajo fue financiado en parte por los subsidios CIUNT 26/I403 a RDCV, e I RVO VFN64165/2012 a LD.

DETERMINACIÓN DE A-167G Y G-141C DEL GEN SSTR2A EN PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA Y CONTROLES DE POSADAS-MISIONES

Tiscornia MM¹, MA Lorenzati², PD Zapata¹. ¹Laboratorio de Biotecnología Molecular. InBioMis. FCEQyN. UNaM., ²Servicio de Anatomopatología. Sanatorio Boratti S.A. Posadas. Misiones. e-mail: mmtiscornia@gmail.com

Actualmente, se utilizan polimorfismos génicos para el diagnóstico y pronóstico de enfermedades, como en cáncer de mama. Nosotros hemos observado que el receptor de somatostatina 2A (SSTR2A) disminuye su expresión cuando incrementa el cáncer de próstata, y otros autores lo han observado en mama. Este receptor desencadena una señal antiproliferativa. El objetivo del trabajo fue la determinación de 2 polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) en el promotor de SSTR2A, A-167G (rs998571) y G-141C (rs1466113) en relación con las frecuencias genotípicas en presencia de cáncer mamario en Posadas-Misiones. Se utilizaron biopsias mamarias cedidas por el Servicio de anatomopatología del Sanatorio Boratti y muestras de sangre entera de pacientes controles. Para la extracción se realizó el protocolo de *salting-out* para los controles y modificado con TEC/SDS-cloroformo:alcohol isoamílico para biopsias. Se diseñaron los cebadores utilizando el programa Primer3 y se optimizaron las condiciones de PCR, variando la concentración de MgCl₂, dNTPs, cebadores y *tm*. Ambos SNPs se detectaron con PCR-RFLP en geles no desnaturalizantes de poliacrilamida. Las enzimas de restricción utilizadas para A-167G y G-141C fueron Bpu1102I y Alw26I, respectivamente. Se encontraron las siguientes frecuencias genotípicas en pacientes con cáncer A-167G: 0,375 A/A, 0,5 A/G y 0,125 G/G; G-141C: 0,46 G/G, 0,46 G/C y 0,08 C/C. Para los pacientes sin cáncer A-167G: 0,46 A/A, 0,48 A/G y 0,06 G/G; G-141C: 0,51 G/G, 0,35 G/C y 0,11 C/C. Nosotros observamos que estos genotipos no presentan diferencias significativas entre pacientes con cáncer de mama y sin cáncer, y que sus variantes alélicas están presentes en la población de Posadas-Misiones.

IDENTIFICACIÓN DE TRES VARIANTES NOVELES ASOCIADAS A DEFICIENCIA DE 21-HIDROXILASA EN NUESTRA POBLACIÓN

Delea M¹, CD Bruque^{1,2}, M Taboas¹, CS Fernández¹, N Buzzalino¹, A Solari¹, C Cocah¹, V Luccerini³, L Alba¹, L Dain^{1,2}. ¹Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS, CABA, Argentina, ²Instituto de Biología y Medicina Experimental, CABA, Argentina, ³Consultorio y Laboratorio de Genética, Rosario, Santa Fe, Argentina.
e-mail: rioyluna_rc@hotmail.com

La Hiperplasia Suprarrenal Congénita es una enfermedad autosómica recesiva que se produce en el 95% de los casos por deficiencia en la enzima 21-hidroxi-lasa. La enfermedad puede manifestarse como severa o clásica (C), o moderada o no clásica (NC). El objetivo de este trabajo es reportar el hallazgo de 3 mutaciones noveles en pacientes de nuestra población. A partir de ADN de linfocitos de sangre periférica de los 3 pacientes (2 C; 1 NC), se amplificó el gen por PCR en 4 fragmentos y los productos se analizaron por secuenciación automática. Los resultados obtenidos se compararon mediante programas de bioinformática con bases de datos del genoma humano y con otras CYP21 de mamíferos. A fin de descartar que las variantes halladas correspondieran a polimorfismos, se testearon al menos 100 cromosomas de la población general mediante amplificación por PCR y corte con enzimas de restricción. Las variantes noveles halladas, T>G en el exón 3, C>T en el exón 10 y inserción C en el exón 10, se encuentran en regiones altamente conservadas en el linaje de los mamíferos. Al analizar individuos de la población general, no hallamos ningún cromosoma portador de las mismas. Proponemos que las variantes halladas corresponderían a mutaciones causales de la patología. Se iniciarán los estudios bioinformáticos para las predicciones estructurales de las proteínas mutadas y funcionales para analizar la actividad residual de las mutaciones noveles.

MICROTIA Y APÉNDICE PREAURICULAR ¿SON UNA MISMA ENTIDAD ETIOLÓGICA?

Scala SC¹, H Campaña¹, MI Villalba¹, MS Pawluk¹, JS López-Camelo^{1,2}.
¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), ²Dirección de Investigación, CEMIC, Buenos Aires.
e-mail: costyscala@hotmail.com

Introducción: Las anomalías microtia (M) y apéndice preauricular (AP) se asocian de manera preferencial. Las frecuencias de microtia, apéndice preauricular y ambas asociadas en 10000 recién nacidos (RN) son de 2,7, 22,0 y 0,2 respectivamente. Objetivo: Establecer si las anomalías microtia y apéndice preauricular son entidades diferentes o variantes fenotípicas de una misma entidad etiológica. Material y Métodos: El material de 13.980 RN malformados, fue obtenido de 5.710.785 nacimientos, ocurridos en 231 hospitales participantes del ECLAMC, entre 1967-2008. Fueron seleccionados RN con AP aislado, M aislada y con solo los dos defectos presentes. Con el objetivo de reducir el número de variables y agruparlas según su correlación, se realizó un análisis de factores con siete variables continuas y nueve discretas. Los factores definidos fueron comparados entre las tres entidades malformativas. Resultados: se identificaron 5 factores, que se conformaron de la siguiente manera: social (escolaridad materna, paterna y ocupación paterna), reproductivo (gravidez, edad materna y paterna), exposición en el primer trimestre (enfermedades agudas y medicamentos), etnicidad (nativo) y características fenotípicas del RN (peso). AP y M presentaron diferencias significativas en los 5 factores, en tanto que en las características del RN las tres entidades fueron diferentes entre sí. Conclusiones: Apéndice y microtia parecen ser 2 entidades diferentes, en tanto que la combinación de ambos defectos solo se diferencia en el RN, sugiriendo casos de mayor gravedad o síndromes no reconocidos.

SÍNDROME DE SMITH MAGENIS ¿POCO FRECUENTE O SUBDIAGNOSTICADO?

Valencia IL¹, MG Mercado. CENAGEM.
e-mail: isabel_luisa@yahoo.com

El Síndrome de Smith-Magenis es un desorden congénito complejo, el 90 % causado por una delección en el cromosoma 17p11.2. Se caracteriza por un patrón característico físico, cognitivo, y conductual. Por la falta de conocimiento de esta enfermedad en gran parte de la comunidad médica, a menudo es infradiagnosticado, confundiendo con la superposición de síntomas con otros trastornos genéticos de carácter neuro- cognitivo- conductual. La variabilidad va de acuerdo a las etapas madurativas del niño. Su prevalencia aproximada es de 1/15.000 RNV. En el 2010 en el CENAGEM nos propusimos diagnosticar este síndrome con estudios clínicos. Utilizando protocolos ad hoc para fenotipo neuroconductual, para déficit de atención e hiperkinesia y entrevistas a los padres interrogando específicamente ciertos síntomas característicos de este síndrome. De 5 pacientes evaluados, ninguno cumplió con los requisitos diagnósticos ni clínicos ni moleculares. En la revisión bibliográfica de revistas indexadas de los últimos 10 años los trabajos publicados en América latina son 5, de los cuales uno es de Argentina. Teniendo en cuenta la frecuencia de este síndrome deberían ser 40 casos anuales aproximadamente para nuestra población. Conclusión: el interés de realizar esta comunicación es preguntar a la comunidad científica si es un síndrome poco conocido; si es por falta de criterios clínicos bien establecidos para su diagnóstico o simplemente es por escasa difusión del mismo.

INEQUIDADES EN LA SALUD INFANTIL SEGÚN ANCESTRÍA EN ARGENTINA Y CHILE

Pawluk MS¹, H Campaña¹, JA Gili², SC Scala¹, MI Villalba¹, JS López-Camelo^{1,2}. ¹Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), La Plata, Argentina. ²Dirección de Investigación, CEMIC, Buenos Aires. e-mail: mpawluk@imbice.gov.ar

Objetivo: Cuantificar inequidades en recién nacidos (RN) de parto prematuro (PP: <37 semanas) según ancestría, en Argentina y Chile, considerando los efectos de nivel socioeconómico, cuidado de la salud, factores demográficos y geográficos. Material: Periodo: 1996-2011. Argentina: la muestra consistió en 432 prematuros con ancestría nativa (PAN), 271 con ancestría nativa mixta (PAM) y 72 con ancestría europea (PAE), seleccionados a partir de 7865 RN ocurridos en 55 hospitales del ECLAMC. Chile: 386 PAN, 127 PAM y 50 PAE de 7769 RN en 15 hospitales. Fueron consideradas las diferencias entre frecuencias de PAN y PAM con respecto a PAE. Método: Se utilizó un modelo de descomposición de Fairlie, para cuantificar la contribución de factores que intervienen en estas inequidades. Resultados: Para Argentina, el modelo explicó 24,8% y 7,4% de las diferencias en PP entre los grupos de PAN y PAM respectivamente con respecto a PAE. La falta de atención prenatal fue el factor que más aportó a las diferencias en ambos grupos, mientras que para ancestría nativa también intervino la salud materna. Para Chile, el modelo explicó 10,8% en PAN y 40,3% en PAM. Los factores que contribuyeron a estas diferencias fueron: uso de atención prenatal y salud materna en ambos grupos, además en PAM intervino el nivel socioeconómico. Conclusión: Las políticas públicas para mejorar la salud de los RN deberían focalizarse en proveer mayor acceso a la atención prenatal y fomentar el cuidado de la salud materna.

EFFECT OF ATHEROSCLEROSIS AND AGING ON OXIDATIVE STRESS IN HEMATOPOIETIC STEM CELLS FROM MICE

Porto ML¹, BP Campagnaro², TN Menezes¹, AT Batista³, LM Doche³, EC Vasquez^{1,3}, SS Meyrelles¹. ¹Federal University of Espirito Santo, Vitoria, Brazil, ²University of Vila Velha, Brazil, ³Emescam Health Sciences, Vitoria, Brazil.
e-mail: smeyrelles@pq.cnpq.br

It is known that aging and atherosclerosis are related with augmented oxidative stress. However, the impact of these conditions on hematopoietic stem cells (HSC), which have been used in regenerative medicine, is not yet clear. Thus, the aim of this study was to evaluate how these conditions affect HSC. Bone marrow was obtained from young, adult and elderly C57BL (C57) and apolipoprotein E knockout (apoE) and then mononuclear cells were isolated and HSC were identified by immunomagnetic analysis. Reactive oxygen species (ROS) were assessed by dihydroethidium in flow cytometry. Apoptosis was evaluated by incubating the cells with Annexin. Aortic lipid deposition and senescence were also analyzed. Statistical analysis was performed with two-way ANOVA. In young animals, ROS levels were similar in C57 and apoE (2303 ± 312 vs. 2693 ± 289 a.u.) but augmented in adult C57 and apoE (1.7 vs. 2.3-fold); aging aggravated these levels in C57 and apoE (2.0 vs. 3.5-fold). On the other hand, young apoE mice showed increased apoptosis (9.5 ± 2.1 a.u.) compared with young C57 mice (5.2 ± 0.8 a.u.). This parameter was worsened in adult C57 and apoE (3.8 vs. 2.8-fold) and in elderly mice (6.4 vs. 4.5-fold). Lipid deposition and vascular senescence was increased in elderly apoE compared to C57. In conclusion, aging by itself affects ROS, which is aggravated by hypercholesterolemia; moreover, hypercholesterolemia by itself affects apoptosis and aging aggravates this condition. These data provide novel rationales for the use of HSC in reparative cellular therapies. Grants: CNPq & FAPES-PRONEX.

RIESGO DE ANOMALÍAS CONGÉNITAS EN GRUPOS ÉTNICOS DE LATINOAMÉRICA

Villalba MI¹, H Campaña¹, SC Scala¹, MS Pawluk¹, JS Lopez-Camelo^{1,2}.
¹IMBICE, ²CEMIC.
e-mail: villabaine@gmail.com

Introducción: los defectos congénitos se presentan en 3 de cada 100 niños y su prevalencia varía en América Latina entre grupos étnicos. Objetivo: estimar el riesgo de anomalías congénitas aisladas según grupo étnico en Latinoamérica. Material y Métodos: de 6.014.749 nacimientos examinados durante 1967–2011 en hospitales de la red ECLAMC, se seleccionaron 20.940 casos con anomalías aisladas y 134.177 controles. Fueron analizadas 10 anomalías congénitas. Las variables de confusión consideradas fueron: edad materna y paterna, escolaridad materna y paterna, grávida y ocupación paterna. Para controlar los factores de confusión se utilizó el "Propensity Score" y se obtuvo el riesgo de cada etnia para las anomalías congénitas, a través de un análisis estratificado de Mantel-Haenszel. Resultados: europeo latino tiene mayor riesgo para: espina bífida (OR: 1.179), sindactilia 2-3 del pie (OR: 1.670) e hipospadias (OR: 1.712); judío para: hipospadias (OR: 5.441); nativo para: microtia (OR: 2.198), labio leporino (OR: 1.506), polidactilia pre-axial (OR: 1.739) y atresia anal (OR: 1.619); negro para: polidactilia post-axial (OR: 3.045) e hipospadias (OR: 1.71); y turco para: espina bífida (OR: 2.601). Conclusión: en Latinoamérica existe un mayor riesgo para anomalías congénitas aisladas según grupo étnico, sugiriendo la existencia de genes de susceptibilidad diferenciales.

ESTUDIO DE LA REGIÓN CONTROL ADN MITOCONDRIAL EN NIÑOS CON ALERGIA A LA LECHE DE VACA

Chaig MR¹, RV Boudet^{1,2}, RV Chaig¹, JC Muiño³, NM Gerez de Burgos¹, JC Copioli⁴. ¹Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular. FCM-UNC, ²Hospital zonal de Río Cuarto - Córdoba, ³UHMI N°4 Medicina III. FCM-UNC, ⁴UHMI N°3. Medicina III. FCM-UNC.
e-mail: mrchaig@hotmail.com

La alergia a los alimentos es un problema de salud pública, a nivel global. La historia familiar es un potente factor de riesgo para el desarrollo de la alergia alimentaria. Los haplogrupos mitocondriales específicos para una población pueden ser funcionalmente diferentes y ejercer influencias en la enfermedad. El objetivo de nuestro trabajo fue: caracterizar mutaciones específicas de la Región D-Loop del ADNmt en un grupo de niños con alergia a la proteína de la leche de vaca (APLV), con el fin de arribar a un mejor conocimiento biológico, genético heredable y etiológico de la enfermedad. Se estudiaron 41 niños de 0 a 2 años de edad y de ambos sexos, que viven en la ciudad de Río Cuarto, Córdoba Argentina; 11 de ellos tenían diagnóstico APLV y 30 sanos. La región D-Loop HVI, II y III del genoma mitocondrial, fue amplificado por reacción en cadena de la polimerasa, utilizando "primers" específicos y secuenciados. El análisis filogenético fue calculado usando el programa CLUSTAL OMEGA, el Neighbor-Joining, BLOSUM62 con datos estudiados y registrados por Jukes-Cantor y luego con Kimura-2. El grado de asociación de haplogrupos con la población enferma es mínimo, no significativo, lo que indica que los haplogrupos en esta población no influirían en la enfermedad. La variante T16519C, no está descrita, pero en nuestra población enferma tiene alta prevalencia y podríamos decir que la probabilidad de enfermarse teniendo esta variante existe. Además de ADNmt, otros genes nucleares y factores epigenéticos podrían estar involucrados en el desarrollo de APLV.

ESTUDIO DE LA RELACIÓN DE VARIANTES POLIMÓRFICAS EN CYP1B1, CYP1A1 Y GSTP1 Y LA SUSCEPTIBILIDAD AL CÁNCER DE MAMA

Jablonski P, M Gautier, L Alterman, R Cerretini. Centro Nacional de Genética Médica.
e-mail: paolajablonski@gmail.com

El cáncer de mama (CM) es una enfermedad poligénica multifactorial. Variantes polimórficas (VP) en genes que intervienen en la metabolización de sustancias químicas aumentan el riesgo a desarrollarla. Los objetivos del trabajo fueron estimar las frecuencias alélicas y genotípicas de las VP CYP1B1-Val432Leu, CYP1A1-T6235C y GSTP1-Ile105Val, y analizar su asociación con el desarrollo de CM y el fenotipo tumoral, mediante un estudio de Casos y Controles realizado en el Centro Nacional de Genética Médica, ANLIS. Se llevaron a cabo estudios genéticos moleculares a 170 pacientes con diagnóstico confirmado de CM y 170 controles mediante técnicas de extracción de ADN, amplificación y análisis de polimorfismos (PCR-RFLP). Los datos obtenidos se analizaron estadísticamente mediante el cálculo del odds ratio (OR). Se observó que la presencia del alelo Val, en la VP GSTP1-Ile105Val, estaría confiriendo un efecto protector (OR=0,67 (0,49-0,92), P=0,01) cuando el mismo se encuentra en homocigosis en la población de estudio (OR=0,41 (0,21-0,82), P=0,009). La VP CYP1B1-Val432Ile no representó un factor de riesgo estadísticamente significativo en los pacientes con CM de nuestra población de estudio. El análisis de asociación entre VP e histología tumoral no presentó resultados estadísticamente significativos. Nuestros resultados estarían aportando un primer registro de la relación de las frecuencias alélicas y genotípicas de las VP estudiadas en pacientes con CM de nuestra población. Sería importante ampliar el estudio a otras poblaciones de Argentina y de Latinoamérica.

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE SÍNDROME DE FRAGILIDAD DEL X EN MENDOZA

Mampel A¹, S Fúrfuro², L Locarno¹, MI Echeverría¹, J Ramirez¹, AL Vargas¹, M Marino². ¹Instituto de Genética FCM UNCuyo, ²Lab de Análisis de ADN FCM UNCuyo.
e-mail: amampel@hotmail.com.ar

El Síndrome de Fragilidad del cromosoma X es la primera causa de retardo mental en varones y en mujeres, con fenotipo variable. Está determinado por una expansión mayor de 200 repeticiones del triplete CGG en el 5'UTR del gen FMR1. Esta expansión genera una hipermetilación del mismo causando el silenciamiento de dicho gen. Un correcto asesoramiento genético requiere poner evidencia la expansión del triplete CGG en FMR1. El objetivo de este trabajo fue optimizar un nuevo método de diagnóstico molecular que permite conocer con exactitud el estado sano, premutado o mutado del paciente. Mediante 3 reacciones de PCR diferentes, una que genera un patrón diferencial en alelos premutados y mutados (mTP-PCR), una segunda PCR metilación específica (Met-PCR) que detecta alelos normales y premutados metilados y una tercera reacción que permite detectar alelos no metilados (nonMet-PCR) se logra conocer el número exacto de repeticiones. Se estudiaron 32 individuos pertenecientes a 11 grupos familiares, con antecedentes de retardo mental. Se determinó el número de repeticiones del triplete CGG y el estado de metilación de cada uno de ellos confirmando el diagnóstico en 3 familias, lo que permitió realizar un asesoramiento genético de certeza. Esta innovadora técnica permite, además de realizar un diagnóstico rápido y preciso, prescindir de técnicas costosas y trabajosas como el Southern blot.

ANÁLISIS DE HAPLOTIPOS DEL GEN CETP EN FAMILIARES DE PRIMER GRADO DE DIABÉTICOS TIPO 2 CON Y SIN SÍNDROME METABÓLICO

Della Vedova MC¹, II Gonzalez¹, SE Siewert¹, SD Filipuzzi², MS Ojeda¹.
¹Laboratorio de Diabetes - UNSL, ²Centro de Salud Santa Rosa- Peia San Luis.
e-mail: ceciliadellavedova@gmail.com

El Síndrome Metabólico (SM) está asociado a resistencia a la insulina con aumento de grasa abdominal, representando un alto riesgo a desarrollar Diabetes Mellitus Tipo 2 (DMT2). La Cholesteryl Ester Transfer Protein (CETP) juega un rol importante en el metabolismo de las HDL. El gen de CETP es altamente polimórfico, las variantes más estudiadas son Taq IB donde se cambia G/A lo que se asocia con una regulación de la actividad enzimática de CETP y aumento de concentración de HDL-c y el polimorfismo -629 C/A ubicado en el promotor, se asocia con la masa de la proteína CETP y los niveles de HDL-c. Objetivos: Realizar el análisis de haplotipos de los polimorfismo Taq IB y -629 C/A del gen CETP. Materiales y Métodos: SM fue diagnosticado según IDF. Se analizó el polimorfismo Taq IB por RFLP y -629 C/A mediante ASO-PCR. Se determinaron las frecuencias genotípicas y el análisis de ligamiento por el programa Snpstat de uso on-line. Resultados: El análisis de haplotipos de Taq IB y -629 C/A del gen CETP, mostró 8 haplotipos donde el más frecuente fue B1B2/CA (48 %), seguido del haplotipo no mutado B1B1/CC (12 %) y el haplotipo mutado B2B2/AA (12 %), los demás presentaron una frecuencia menor al 10%. El haplotipo B2B2/CC no se encontró en la población estudiada. Los individuos con SM mostraron diferencia significativa del haplotipo B1B2/CC respecto a los sin SM [OR : 6,00 (2113 - 17,035) p< 0,001]. Conclusión: El análisis de haplotipos demostró que ambos polimorfismos no se encuentran ligados pero si asociados.

SOBRE-EXPRESIÓN DE LA ISOFORMA SR-BII DEL RECEPTOR SCAVENGER CLASE B TIPO I EN DIABÉTICOS TIPO 2

Mendoza GV¹, SE Siewert¹, II Gonzalez¹, RO Lucero², MS Ojeda¹.
¹Laboratorio de Diabetes - UNSL, ²Centro de Salud N° 6 El Chorrillo -
Pcia de San Luis.
e-mail: msojeda@unsl.edu.ar

El receptor scavenger clase B tipo I presenta dos isoformas: SR-BI y SR-BII y fue descrito como el primer receptor de las HDL-c capaz de facilitar la captación selectiva de esteres de colesterol, sin embargo también tiene afinidad por las IDL, LDL y VLDL. Este gen presenta varios polimorfismos. Objetivo: Determinar la influencia del polimorfismo en el intrón 11 (rs838896) sobre la expresión de las isoformas SR-BI y SR-BII. Métodos: Se estudiaron 40 controles y 66 diabéticos tipo 2. El ADN genómico se extrajo con el kit QIAmp DNA Blood. Los genotipos se determinaron mediante la técnica tetra-primers ARMS-PCR. Se utilizó TRIzol para la extracción de ARN. La RT se llevó a cabo usando 5U/ μ l de AMV transcriptasa reversa y hexámeros, en la PCR, se usó un solo set de primers para identificar las dos isoformas. Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis en agarosa. Los niveles de ARNm fueron expresados como la relación entre la intensidad de las isoformas y la correspondiente a beta-globina. Resultados: El polimorfismo estudiado no influye en los niveles de expresión de las isoformas del receptor scavenger. En diabéticos Tipo 2, la expresión total del Receptor se correlacionó negativamente con LDL-c ($r = -0.89$, $p < 0.0001$) y Glucemia ($r = -0.944$, $p = 0.001$) y se observó diferencia significativa en la expresión de la isoforma SR-BII respecto a controles ($p < 0,0001$). Conclusiones: La hiperglucemia promueve la sobreexpresión de SR-BII, menos eficiente en el transporte reverso de colesterol, que conlleva a elevados niveles de LDL-c en pacientes diabéticos.

DESARROLLO DE UN RNA DE INTERFERENCIA CONTRA EL RECEPTOR DEL FACTOR DE CRECIMIENTO EPIDÉRMICO

Brea MS, NG Pérez, PE Morgan. Centro de Investigaciones Cardiovasculares.
e-mail: solebrea18@hotmail.com

La hipertrofia cardíaca (HC) es un factor de riesgo *per se* de enfermedad y muerte de origen cardiovascular. El receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR) está involucrado en una de las rutas pro-hipertroficadas. En el corazón se encuentran expresados tres de los cuatro miembros de la familia del EGFR: ErbB1, ErbB2 y ErbB4. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un RNA de interferencia (RNAi) contra el ErbB1, que pueda ser utilizado para investigar su rol en la HC y como eventual terapia génica. A través de una búsqueda informática se eligió una secuencia específica del ErbB1 para formar el RNAi, que luego fue clonado mediante el uso de enzimas de restricción en un plásmido vector lentiviral, que presenta los genes de resistencia a ampicilina y de la proteína fluorescente roja. Se transformaron bacterias *E. coli* DH5- α con el plásmido portador de la secuencia codificante para el RNAi, se aisló el DNA plasmídico y se analizó la naturaleza del producto obtenido mediante ensayos de PCR, digestión enzimática y transfección de células HEK 293T. Las bacterias transformadas crecieron en placas con medio suplementado con ampicilina, las reacciones de PCR realizadas utilizando primers específicos del RNAi dieron las bandas esperadas, y la digestión enzimática produjo el patrón de fragmentos esperado. Por último, las células HEK transfectadas mostraron la fluorescencia roja correspondiente, indicando la presencia del vector con el RNAi. Estos resultados sugieren haber obtenido el plásmido con el transgen shRNA-ErbB1 que permite sintetizar el lentivirus correspondiente.

GEN UROD: ESTUDIO MOLECULAR Y DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE PORFIRIA

Medina NM¹, BX Granata¹, GN Cerbino³, FP Colombo^{1,2}, MV Rossetti^{1,2}, AMC Batlle¹, VE Parera¹. ¹CIPYP Hospital de Clínicas-CONICET-UBA, ²Departamento de Química Biológica, FCEN-UBA, ³Servicio de Hematología, Hospital General de Agudos Ramos Mejía.
e-mail: vicky@qb.fcen.uba.ar

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) se produce por una deficiencia en la Uroporfirinógeno decarboxilasa. Existen 2 tipos principales: PCT-A (adquirida) y PCT-H (hereditaria) producida por mutaciones en el gen UROD y se transmite en forma autosómica dominante con baja penetrancia. Su manifestación se asocia a factores desencadenantes como la sobrecarga de hierro entre otros. La Porfiria Hepatoeritropoyética (PHE) es una forma homo o doble heterocigota de la PCT. El objetivo fue obtener el diagnóstico diferencial en 4 pacientes PCT: 2 de ellos portaban 2 deleciones nuevas (c.752 delC y c. 994_995 delGC) y el 3ro la inserción c.ins10A. Estas mutaciones no permitían descartar o confirmar la presencia de una segunda variante genética. El 4to es un nuevo paciente aún no estudiado genéticamente. A partir de sangre se amplificó y secuenció el gen UROD. Para la separación de alelos se empleó el vector pGEMT-T easy (Promega, USA) y se transformaron bacterias competentes. Los plásmidos correspondientes a las colonias positivas fueron extraídos con el kit QIA prep spin miniprep (Qiagen) y secuenciados automáticamente. La secuenciación de los alelos permitió determinar con precisión los nucleótidos delecionados y asegurar la ausencia de una 2da mutación en los 3 pacientes descartando una PHE. En el 4to paciente se detectó una nueva mutación puntual en el exón 7: p.G222W, que se encuentra en proceso de caracterización. Es importante, en algunos casos, extender el análisis molecular inicial para llegar a un diagnóstico diferencial preciso y realizar el estudio presintomático familiar.

EPIDEMIOLOGÍA DEL PARTO PREMATURO SEGÚN SUBTIPO CLÍNICO

Gimenez LG^{1,2}, JA Gili^{1,2}, FA Poletta^{1,2,6}, HB Krupitzki¹, B Comas^{1,2}, EG Gadow¹, VR Cosentino^{1,2}, C Saleme³, JC Murray⁴, JS Lopez Camelo^{1,2,5,6}. ¹Dirección de Investigación, CEMIC, ²ECLAMC, ³Maternidad Nuestra Señora de la Merced, Tucumán, ⁴Department of Pediatrics, University of Iowa, ⁵IMBICE, ⁶INAGEMP, Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Brasil.
e-mail: gimenezlucasgabriel@gmail.com

El parto prematuro (PTB) es un rasgo complejo y heterogéneo, lo que resulta de la interacción de varios factores genéticos y ambientales. El PTB puede ser clasificado según su presentación clínica en: PTB-I Espontáneo, PPRM Rotura prematura de membrana, PTB-M Medicamento inducido. El presente trabajo tiene como objetivos: i. Identificar factores de riesgo asociados a la madre del RN prematuro, comparando las características demográficas, genéticas y exposiciones entre los subtipos clínicos y ii. Estimar la recurrencia en hermanos según subtipo clínico. El estudio fue de tipo retrospectivo y se realizó en la maternidad "Nuestra Señora de la Merced" en la ciudad de Tucumán, Argentina. Se registraron 1291 casos, no-malformados, de embarazos simples, nacidos de mujeres multíparas y primíparas. Para evaluar la asociación entre los factores de riesgo y los subtipos clínicos se realizó un MANOVA (*Multivariate Analysis of Variance*). Se realizaron análisis descriptivos de las estructuras genealógicas con SAGE (*Statistical Analysis for Genetic Epidemiology*). Los principales indicadores de riesgo detectados fueron edad materna y paterna, edad materna al primer embarazo y estado civil mostraron una diferencia significativa asociados al subtipo PTB-M, y los trastornos inmunológicos asociados al subtipo PPRM. Se observó que PTB-I posee una frecuencia de recurrencia entre hermanos de 38,05% (156/410); PPRM de 2617% (128/489) y PTB-M de 31,43% (121/385). Podemos concluir que los subtipos clínicos presentan características epidemiológicas específicas tanto ambientales y/o genéticas.

UN DESAFÍO DIAGNÓSTICO: SÍNDROME DE COSTILLAS CORTAS POLIDACTILIA

Dahrull J¹, C Montes¹, A Sturich¹, V Sanchez², C Travela³, P Caeiro⁴, N Rossi¹. ¹Servicio de Genética Médica Hospital Privado de Córdoba, ²Servicio de Anatomía Patológica Hospital Privado de Córdoba, ³Servicio de Ginecología y Obstetricia Hospital Privado de Córdoba, ⁴Servicio de Imágenes Hospital Privado de Córdoba.
e-mail: ceciliamontes69@hotmail.com

El síndrome de costillas cortas polidactilia, es una displasia ósea letal, caracterizada por tórax hipoplásico, costillas cortas, polidactilia y micromelia, puede tener otras malformaciones asociadas. Se clasifican en tipos I, II, III y IV, con herencia autosómica recesiva. Objetivo: reportar un caso. Caso Clínico: recién nacido masculino fallecido al nacer, con diagnóstico prenatal ecográfico en la semana 24 de gestación de tórax estrecho, costillas cortas, polidactilia y micromelia. El propósito es el primer y único hijo de una pareja, joven, sana, no consanguínea. Parto prematuro a la semana 34. Fenotipo: macrocefalia, incisivos superiores erupcionados, tórax muy estrecho, micropene, micromelia, braquidactilia y polidactilia postaxial de manos y pies. Citogenética: 46,XY. Babygrama: clavículas normales, costillas muy cortas, polidactilia postaxial de manos y pies, acetábulos ilíacos planos. TAC con reconstrucción tridimensional postmortem: encéfalo normal, cráneo con arcadas dentarias, caja torácica muy reducida por costillas cortas y horizontales, omóplatos pequeños, clavículas normales, huesos ilíacos pequeños y acetábulos horizontales, polidactilia postaxial. Anatomía patológica: severa hipoplasia pulmonar, hidronefrosis. Diagnóstico final: Síndrome de Costillas cortas polidactilia tipo I ó III o Síndrome de Jeune, todos podrían pertenecer a variantes de una misma enfermedad genética. El diagnóstico prenatal es un desafío diagnóstico y puede realizarse con ecografía y tomografía con reconstrucción tridimensional en el segundo trimestre de la gestación.

GEMELOS MONOCIGÓTICOS DE IDÉNTICO PERFIL GENÉTICO MOLECULAR PERO CROMOSÓMICAMENTE DIFERENTES

Visich A¹, S Dávila², M Cuello de Marchese³, A Oviedo³. ¹Laboratorio de Genética, Fundación BIOGEN, Salta, ²Hospital de Alta Complejidad Juan Domingo Perón, Formosa, ³Fundación BIOGEN, Salta.
e-mail: avisich@biogen.org.ar

Los gemelos monocigóticos (GM) se originan por unión de 1 óvulo con 1 espermatozoide que forman 1 embrión que en su desarrollo temprano se divide en 2 seres separados que comparten su información genética y se espera que fenotípicamente sean idénticos ya que son clones. Comunicamos el caso raro de GM univitelinos varones que nacieron 1 normal (N) y el otro con Síndrome de Down que fue operado y murió a los 7 meses. Las diferencias entre GM sorprendió y complicó dramáticamente a la familia, se generaron sospechas de cambio de bebés que luego de 10 años se denunció a la justicia. Fundamentamos que si existía posibilidad que el bebé fallecido fuese GM del que estaba vivo, ordenándose así la pericia de ADN antes que otras medidas. Se tomó SP de los padres y el gemelo N, cuyos cariotipos fueron normales y no se evidenció mosaicismo. Se exhumó el cuerpo del otro gemelo y el análisis de 23 STS reveló perfiles genéticos idénticos resultando ambos hijos de la pareja. Las diferencias cromosómicas pueden explicarse a partir: -de 1 embrión N se originaron 2 idénticos, luego en 1 ocurrió 1 no disyunción y el otro siguió N; -de 1 embrión mosaico (N y T21) se originaron 2 independientes a partir de *c/* línea celular. Destacamos la importancia del asesoramiento genético correcto y oportuno. Aunque la mayoría de los GM son fenotípicamente idénticos, debe considerarse la rara posibilidad de discordancias. Los estudios genéticos resultaron esenciales para terminar la larga búsqueda de la verdad de la familia, finalizar las investigaciones y la causa judicial que involucraba graves acusaciones.

SNPs EN GENES RELACIONADOS AL ESTRÉS OXIDATIVO Y RADIOTOXICIDAD EN PACIENTES SOMETIDOS A RADIOTERAPIA

Córdoba EE^{1,2}, E Lacunza³, MC Abba³, AM Güerci^{1,2}. ¹Instituto de Genética Veterinaria- IGEVET- CONICET- UNLP, ²Centro de Investigaciones de Transferencia en Oncología Molecular Argentina- CITOMA. Red CIO- Terapia Radiante, ³Centro de Investigaciones Inmunológicas Básicas y Aplicadas – CINIBA.
e-mail: elisaecordoba@gmail.com

La radioterapia (RT) es el tratamiento adyuvante estándar para el cáncer de mama respecto a la cirugía. Si bien se dirige a células tumorales, los tejidos normales de proliferación rápida también son radiosensibles. Dado a que parte de los efectos citotóxicos se producen por estrés oxidativo, hipotetizamos que polimorfismos en genes que intervienen en estas vías podrían resultar en un mayor riesgo de radiotoxicidad. De esta manera, se evaluó la asociación de SNPs en GSTP1 (rs1695) y SOD2 (rs4880) con radiotoxicidad aguda, en pacientes con cáncer de mama sometidos a RT. El estudio incluyó 42 pacientes (media de 58 años), sometidas a cuadrantectomía. Las mismas fueron tratadas con una dosis total de 50Gy impartida en fracciones de 2Gy. La radiotoxicidad fue evaluada por el *score* del *Radiation Therapy Oncology Group*. Las purificaciones de ADN se realizaron a partir de sangre periférica e hisopado de mucosa bucal y los polimorfismos se identificaron mediante PCR- RFLP. El 64,28% de las pacientes manifestaron efectos radiotóxicos. Las frecuencias alélicas de A y G para el codón 105 del gen GSTP1 fueron de 0,488 y 0,512 respectivamente; mientras que para el codón 16 del gen SOD2 las frecuencias de T y C fueron de 0,5 y 0,5. No se observaron diferencias significativas entre las frecuencias genotípicas de ambos genes y radiotoxicidad aguda ($p > 0,05$). Las frecuencias genotípicas de los genes analizados no están asociadas a radiotoxicidad, no obstante, dada la característica multifactorial y poligénica del rasgo, se continuará con el estudio de polimorfismos en otros genes candidatos.

NUEVA SUSTITUCIÓN DEL ASP 178 EN GJB1/CX32 SE ASOCIA A ENFERMEDAD DE CHARCOT-MARIE-TOOTH LIGADA AL X

Kötting J¹, WM Gerding¹, JT Epplen¹, ME Abdala², TA Antelo², RD Carrero Valenzuela². ¹Humangenetik, Ruhr Universität Bochum, Deutschland, ²Orientación Genética, Departamento Biomédico de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Tucumán. Av. Kirchner 2100, 4000-Tucumán, Argentina.
e-mail: roque.carrero@gmail.com

La neuropatía hereditaria sensitivo-motriz o enfermedad de Charcot-Marie-Tooth es una entidad genéticamente heterogénea, más frecuentemente debida a mutaciones en PMP22 o GJB1/Cx32. Estamos estudiando una familia con al menos 5 afectados, 2 mujeres y 3 varones, en 4 generaciones. OBJETIVOS: Identificar el gen involucrado y describir la mutación responsable. METODOLOGÍA: establecido el diagnóstico presuntivo y previo consentimiento informado, se confeccionó la genealogía y se aisló ADN genómico de la sangre periférica del propósito para estudios moleculares. Se investigó PMP22 para verificar la presencia de dos alelos, y se estudió GJB1/Cx32 por secuenciamiento directo. RESULTADOS: La investigación de PMP22 mostró la presencia de 2 alelos sin duplicaciones ni deleciones detectables. El secuenciamiento directo de GJB1/Cx32, en cambio, demostró una sustitución, c.533A>T, p.178D>V, en hemicigosis. DISCUSIÓN: La aquí reportada es la tercera sustitución de este aminoácido hallada hasta la fecha en pacientes con enfermedad de Charcot-Marie-Tooth ligada al X (CMTX1, MIM 302800); en los casos previamente comunicados, los aminoácidos sustituyentes fueron tirosina y glicina, respectivamente. Se ha demostrado que la sustitución p.178D>Y ocasiona una completa desregulación por calcio del hemicanal de conexina 32, lo que sugiere fuertemente que las sustituciones de este aminoácido son patogénicamente relevantes. Este trabajo fue financiado en parte por los subsidios CIUNT 26/I403 a RDCV, y FORUM F 608R-2007 a JK.

MONOSOMÍA PARCIAL DEL BRAZO LARGO DEL CROMOSOMA 13: SÍNDROME DE DEL 13Q. REPORTE DE UN CASO CLÍNICO.

Vilte, MP; C Martínez Taibo, MD Ruiz. Programa de Genética, Hospital Dr Arturo Oñativia, Hospital Público Materno Infantil. Salta. República Argentina.

e-mail: paolavilte@yahoo.com

El fenotipo de estos pacientes tiene amplia variabilidad, algunos tienen severas malformaciones con muerte en el periodo neonatal y otros que involucran el cerebro, el corazón, los riñones, pulmones y otros sistemas, mientras otros tienen dismorfias menores con RMG y falla del crecimiento. Numerosos casos se han correlacionados para definir la región crítica de la delección. Se han propuesto 3 grupos: 1) que involucra una delección más proximal hasta q32 con leve a moderado retraso mental y retraso de crecimiento y dismorfias; dependiendo del segmento involucrado puede presentar retinoblastoma. 2) comprende una delección más distal incluyendo al menos parte de q32, con 1 o más malformaciones mayores, más frecuentemente cerebrales, oculares, genitourinarias y gastrointestinales. Severo retraso mental y falla del crecimiento. 3) comprende los que tienen la delección más distal con la participación q33-q34, con retraso mental grave pero sin malformaciones mayores y por lo general sin retraso en el crecimiento. Presentamos un RN que fallece a las pocas horas de vida. Pareja no consanguínea EM: 18 años. Nulípara. CPN 4. Ecos prenatales con Oligoamnios severo. RCIU. Serologías negativas. Cesárea. RNPT/37 sem .PN 1400 gr. Talla: 39 cm PC: 29,5 cm Apgar 1/1. Requiere reanimación avanzada con ARM y con dificultades para la ventilación con diagnóstico de hipoplasia pulmonar. Ex físico: Dolicocefalia. Orejas bajas de implantación baja, con helix en punta. Puente nasal chato. Ortejos superpuestos. Hipospadia. Se toma cariotipo que muestra: 46, XX del 13.

SÍNDROME DE EDWARDS POR ISOCROMOSOMA 18 REPORTE DE UN CASO

Avila S, I Navarro, ME Ponce Zaldua. Servicio de Genética Médica – Hospital Provincial Neuquén “Dr. Eduardo C. Rendón”. e-mail: silvia347@gmail.com

El síndrome de Edwards constituye un cuadro clínico grave caracterizado por severa restricción del crecimiento y defectos congénitos múltiples. La mayoría de los pacientes fallece en etapa perinatal y no se considera moralmente aceptable mantener la vida de los afectados con medios artificiales. La incidencia de 1 por cada 7000 nv y se debe, en el 95% de los casos a trisomía libre del cromosoma 18. Presentamos el caso de un paciente en el cual se diagnosticó una alteración citogenética infrecuente como causante del síndrome de Edwards. R.G es el primer hijo de una pareja sana y no consanguínea, que nace a las 33 semanas de edad gestacional. En la semana 26 se había detectado RCIU, dilatación biventricular y anomalía de Arnold Chiari. La pareja rechaza la realización de diagnóstico citogenético prenatal. Al momento del nacimiento se detecta además hipotelorismo, microrretrognatia, pabellones auriculares displásicos y pies en mecedora, persistencia de conducto arterioso y riñón único. Presenta depresión respiratoria e ingresa a asistencia respiratoria mecánica. El estudio citogenético muestra una trisomía 18 por la presencia de un isocromosoma 18p y un isocromosoma 18q además de los dos cromosomas 18 normales. Una vez realizado el diagnóstico se iniciaron medidas de cuidados paliativos. R.G fallece a los veintiún días de vida. Este caso remarca la importancia del diagnóstico citogenético oportuno para orientar el pronóstico del paciente. Los hallazgos citogenéticos extremadamente poco frecuentes de este caso permiten realizar hipótesis sobre su mecanismo de producción.

SÍNDROME OCULOCEREBRO CUTÁNEO (S. DE DELLEMAN). REPORTE DE UNA RARA ENTIDAD EN UN NUEVO CASO

Arberas C, MC Fernández, F Villegas, A Tello, R Armando, W Lagrava. Sección de Genética Médica. Hospital de Niños "Dr. R. Gutiérrez" de Buenos Aires Argentina. Gallo 1330.
e-mail: florenciasnm@hotmail.com

Introducción: Delleman y col. reportan en 1981, una rara condición en dos varones no relacionados que mostraban Quiste Orbitario, malformación cerebral y defecto dérmico focal. Objetivos: Reportar un nuevo caso, y revisar la evidencia Bibliográfica. Material y Métodos: Se presenta una niña evaluada desde los 2 meses hasta los 2 años sin antecedentes personales, ni familiares, con desarrollo antropométrico normal y neuromadurativo retrasado. De RN alteración fenotípica con malformación ocular bilateral: Coloboma bilateral de iris, con microftalmía y microcornea. En ojo derecho dermoide epibulbar y coloboma de papila y en ojo izquierdo coloboma del polo posterior. Mamelones en canal auditivo externo y mejilla lado derecho y mamelones preauriculares lado izquierdo. A los 15 días de vida se constata incremento perímetro cefálico. Estudios Complementarios: Ecografía transfontanelar (1 mes): ventriculomegalia. RMN (7 meses): Dilatación asimétrica sistema ventricular, lesión expansiva parcialmente quística retro-ocular izquierda. Cariotipo con Alta resolución: 46,XX, normal. Conclusiones: El Síndrome de Delleman consiste en la asociación de Anomalía del SNC, malformación quística ocular, mamelones faciales y defectos dérmicos focales conformando una rara entidad esporádica, con predominancia en varones, con dishabilidad intelectual y ocasionalmente epilepsia. Debe diferenciarse de otras condiciones semejantes como el S. de Goldenhar, la Lipomatosis encefalocráneocutánea y el S. de Goltz o Hipoplasia dérmica focal. Dada la baja frecuencia debe ser considerada entre los cuadros malformativos que comprenden defectos del S.N.C., oculares severos y cutáneos.

SÍNDROME DE AORTA MEDIA: DESCRIPCIÓN DE UN PACIENTE CON SINDROME DE WILLIAMS -BEUREN

Menazzi S¹, I Valencia¹, L Pompozzi², JL Pibernus³, G Mercado¹. ¹Centro Nacional de Genética Médica, A.N.L.I.S. "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires, Argentina, ²Servicio de Clínica, Sección Hipertensión Arterial, Hospital de Pediatría S.A.M.I.C. "Prof. Dr. J.P. Garrahan", Buenos Aires, Argentina, ³Servicio de Hemodinamia, Hospital de Pediatría S.A.M.I.C. "Prof. Dr. J.P. Garrahan", Buenos Aires, Argentina.
e-mail: gmmercado2@yahoo.com.ar

El Síndrome de Williams Beuren (SWB) (OMIM 194050) es un trastorno genético del desarrollo que cursa con alteraciones cardiovasculares, dismorfias, baja talla, retraso mental leve a moderado y un perfil cognitivo característico. La alteración molecular asociada al SWB es una microdelección hemicigota en la región cromosómica 7q11.23; su incidencia es de 1 cada 7.500 RNV. El Síndrome de la Aorta Media (SAM) es una enfermedad rara que se manifiesta en la primera o segunda década de la vida, tiene una frecuencia del 2 al 14% en pacientes con SWB y se caracteriza por el estrechamiento de las porciones de la aorta abdominal o torácica descendente distal. Presentamos un paciente adolescente de 16 años, primer hijo de una pareja sana, no consanguínea, con antecedentes de embarazo y parto sin complicaciones. Durante su infancia mostró una maduración con pautas retrasadas y dificultad en el lenguaje. A los 10 años presentó un cuadro agudo de intenso dolor abdominal por el que se solicitó una interconsulta con cardiología, donde se diagnosticó síndrome de la aorta media. Por su fenotipo fue derivado a nuestra institución (CENAGEM) con sospecha de SWB, el cual se confirmó mediante FISH para la región 7q11.23. El motivo de nuestra presentación es transmitir la importancia del diagnóstico precoz en los pacientes con SWB, así como la toma de la presión arterial y de los pulsos en los cuatro miembros para prevenir complicaciones cardiovasculares.

ALTERACIÓN FUNCIONAL DEL INTESTINO GRUESO Y DELECIÓN EN EL BRAZO LARGO DEL CROMOSOMA 9 CON SUBSECUENTE FORMACIÓN DE CROMOSOMA EN ANILLO

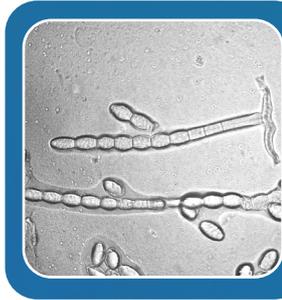
Barbaro E, M Ponce Zaldúa, I Navarro, P Almazan, L Fernández De Bon, S Avila. Servicio de Genética Hospital Provincial Neuquén.
email: ebarbaro@hospitalneuquen.org.ar

El cromosoma 9 en anillo se asocia con dismorfias y malformaciones congénitas. Presentamos un caso con predominio funcional secundario a delección del cromosoma 9 y formación de anillo con los segmentos delecionados. Caso Clínico CM es un recién nacido de término, primer hijo de una pareja sana y no consanguínea sin antecedentes familiares de patología. Presenta retraso de crecimiento intrauterino armónico, con hipotonía; dismorfias inespecíficas, que presenta a las 48 hs de vida cuadro de suboclusión intestinal con hipotensión severa y deterioro del estado general. Se descarta sepsis y mejora con la corrección del medio interno y la realización de enema evacuante. Repite episodios similares y aunque radiológicamente no presenta un patrón compatible, se realiza biopsia intestinal para descartar enfermedad de Hirschprung y se asume como tal. La biopsia confirma aganglionosis en el segmento colónico distal. Presenta mejora clínica post-quirúrgica pero persiste la falta de medro. El estudio citogenético con bandeado G mostró delección en 9q3.1 con formación de un anillo por parte del segmento delecionado. Se completa con estudio de hibridización *in situ* que corrobora la procedencia del anillo. En los reportes consultados se encontró la mutación del gen *IKBKAP* mapeado en 9q3.2, punto de corte descrito en este caso, vinculado a síndrome de Riley Day y enfermedad de Hirschprung en homocigosis. Está pendiente la caracterización molecular detallada de los genes en haploinsuficiencia a los fines de explicar el origen del fenotipo del paciente.

DIAGNÓSTICO PRENATAL DE ANOMALÍAS CONGÉNITAS: PRIMEROS DATOS DEL REGISTRO DEL EQUIPO INTERDISCIPLINARIO DE UN HOSPITAL PÚBLICO

Ponce Zaldúa ME¹, E Barbaro¹, MC Muntaner³, P Caro², SA Avila¹.
¹Servicio de Genética Médica Hospital Provincial Neuquén,
²Universidad Nacional del Comahue, ³Servicio de Obstetricia Hospital Provincial Neuquén.
e-mail: eugeniapzaldua@gmail.com

Desde el año 2006 se puso en marcha un equipo interdisciplinario en nuestro Hospital para la atención integral de las familias que cursaban gestas con anomalías congénitas. Nuestro objetivo es presentar los resultados del análisis descriptivo de los datos obtenidos como herramienta para el abordaje epidemiológico y la mejora de la calidad de atención. Se realizó análisis estadístico descriptivo de la totalidad de las consultas realizadas en el período 2010-2011. Se atendieron 75 pacientes embarazadas. La prevalencia de anomalías congénitas de residentes urbanas fue de 0,38 y rurales de 0,14. La procedencia no determinó letalidad ni hallazgo de anomalías específicas. El motivo de derivación más frecuente fue la detección ecográfica de anomalías congénitas mayoritariamente de etiología multifactorial, en embarazadas de entre 19 y 30 años sin factores de riesgo. La letalidad se asoció a anomalías urinares y del sistema nervioso detectadas ecográficamente. La prevalencia de anomalías congénitas prenatales es coincidente con lo reportado en la bibliografía. La mayor parte tuvo diagnóstico ecográfico y correspondió a gestas cromosómicamente normales. La mayor parte de las pacientes no tenía factores de riesgo lo que remarca la utilidad de la ecografía como método de detección y a la evaluación interdisciplinaria para lograr el diagnóstico definitivo.



GMI

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA DE MICROORGANISMOS

CARACTERIZACIÓN DE UNA CEPA COMPETENTE NATURAL DE *Escherichia coli* AISLADA DE SUELO

Mucci S, M Nardelli, G Parmeciano Di Noto, MF Rapisardi, C Quiroga, D Centrón. ¹Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPam)-CONICET-Universidad de Buenos Aires.

e-mail: sofia_mucci@hotmail.com

Diversas especies bacterianas son capaces de adquirir material exógeno mediante diferentes mecanismos de transformación natural. Poco se sabe sobre las condiciones necesarias para la expresión de la competencia natural en *Escherichia coli*. Al analizar cepas aisladas de suelo provenientes de sitios de bajo impacto antrópico del Parque Nacional Iguazú, se identificó un aislamiento de *E. coli* transformante natural. El objetivo de este trabajo es caracterizar los requerimientos de crecimiento y transformación de *E. coli* 4IgSN1. Para ello, se realizaron curvas de crecimiento comparando la velocidad de replicación del aislamiento 4IgSN1 con las de *E. coli* MG1655, BL21 y DH5a; y a diversas temperaturas (25° C, 30° C, 37° C, 40° C y 45° C). Nuestros resultados mostraron que *E. coli* 4IgSN1 tiene un rango óptimo de crecimiento entre 37° C y 40° C. Por otro lado, se observó que esta bacteria se replica más rápido que *E. coli* BL21 y DH5a, pero es más lenta que la cepa MG1655. En paralelo, se evaluó la capacidad de adquirir plásmidos mediante ensayos de transformación por competencia natural. Para ello, se expuso *E. coli* 4IgSN1 al ADN de un plásmido ColE1, llamado pCR-aadB, que confiere resistencia a gentamicina. Una vez introducido, se realizaron cultivos seriados durante 6 días, y se evaluó el mantenimiento del mismo por PCR. Nuestros resultados mostraron que *E. coli* 4IgSN1 es capaz no solo de captar plásmidos ColE1 de forma natural, sino que también puede mantenerlos al menos 6 días, sugiriendo que expresa la maquinaria para la captación de ADN exógeno.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN AISLAMIENTOS DE *Rhizoctonia solani* EMPLEANDO MARCADORES ISSR Y URP

Taboada G^{1,2}, Y Spedaletti^{1,3}, M Aparicio^{1,2}, A Chocobar¹, M Chocobar¹, F Gasca⁵, D Benedettini⁵, O Vizgarra⁴, M Galván^{1,3}, G Mercado Cárdenas¹.

¹INTA-EEA Salta, ²CONICET, ³ANPCyT, ⁴EEOC, Tucumán, ⁵Escuela de Agronomía, FCN, UNSa.

e-mail: gmercado@correo.inta.gov.ar

Una de las principales causas de disminución del rendimiento en los cultivos es el estrés biótico. *Rhizoctonia solani* (Kühn) es un hongo patógeno habitante del suelo que ocasiona numerosas enfermedades en diferentes cultivos del NOA, como ser poroto, tabaco y garbanzo. Una de las causas del éxito limitado en el manejo de las enfermedades es el escaso conocimiento de la variabilidad y de la estructura genética de las poblaciones del patógeno. El objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad genética presente en 25 aislamientos de *R. solani* obtenidos a partir de diferentes cultivos del NOA (poroto, tabaco y garbanzo) utilizando marcadores moleculares. Los aislamientos fueron obtenidos a partir de semillas, hojas, raíces y suelo de lotes comerciales de los cultivos mencionados. La extracción de ADN se realizó a partir de micelio de 10 días de activo crecimiento en A.P.G. Para la amplificación mediante PCR se emplearon 4 primers ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) y 4 primers URP (*Universal Rice Primers*), los cuales han sido ampliamente utilizados en el análisis molecular de diversos hongos. Para el análisis de los datos se aplicaron técnicas de análisis multivariado (Coordenadas Principales y análisis de agrupamiento). Los resultados revelaron la existencia de gran variabilidad genética en los aislamientos estudiados y demostraron que los marcadores utilizados son una herramienta de utilidad para el análisis de la variabilidad entre los aislamientos de *R. solani* analizados.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE AISLAMIENTOS DE *Rhizoctonia* spp. DE POROTO EN EL NOA

Spedaletti Y^{1,4}, G Taboada^{1,3}, A Chocobar¹, G Aparicio^{1,3}, O Vizcarra², M Galván^{1,3}, G Mercado Cárdenas¹. ¹INTA-EEA Salta, ²EEOC, Tucumán, ³CONICET, ⁴ANPCyT.

e-mail: gmercado@correo.inta.gov.ar

El damping off, la podredumbre radicular y mustia hielosa, son enfermedades causadas por *Rhizoctonia solani* Kühn que suelen presentarse con mayor prevalencia y severidad en el cultivo de poroto en el NOA. El diagnóstico molecular mediante ITS (*internal transcribed spacer*) del género *Rhizoctonia*, es la herramienta actual más empleada para la identificación correcta del fitopatógeno. El objetivo del trabajo fue realizar la identificación de 20 aislamientos de *Rhizoctonia* spp. obtenidos de semillas de poroto de las provincias de Salta y Tucumán, empleando secuencias ITS. Para ello se realizó la extracción de ADN a partir de micelio. Posteriormente se realizaron reacciones de amplificación mediante PCR utilizando los primers ITS1 e ITS4. Los fragmentos amplificados fueron de 700 pb. El ADN amplificado se secuenció y posteriormente se realizó el alineamiento y análisis de las secuencias con ClustalW. Se adicionaron al análisis secuencias de diferentes especies de *Rhizoctonia* y diversos grupos de anastomosis de *R. solani* disponibles en la base de datos del NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) y secuencias de aislamientos obtenidos a partir de otros hospedantes, como garbanzo y tabaco. Se generó un árbol de Neighbor-Joining en el cual se pudo identificar a la mayoría de los aislamientos de poroto como *Rhizoctonia solani* AG4. Las secuencias obtenidas para cada aislamiento fueron publicadas en el GenBank. La información generada representa una herramienta para el manejo integrado de estas patologías.

ANÁLISIS MOLECULAR DE AISLAMIENTOS DE *Fusarium* spp. ASOCIADOS AL MARCHITAMIENTO VASCULAR EN TABACO

Berrueto L^{1,2}, G Mercado Cardenas¹, Y Spedaletti^{1,3}, A Chocobar¹, M Galvan^{1,2}, S Stenglein^{2,4} ¹INTA EEA-Salta, ²CONICET, ³ANPCyT, ⁴Facultad de Agronomía de Azul, UNCPBA.

e-mail: gmercado@correo.inta.gov.ar

El marchitamiento vascular producido por *Fusarium* spp. se manifestó en diversos lotes tabacaleros de las provincias de Salta y Jujuy, generando la necesidad del manejo de la enfermedad. La caracterización del fitopatógeno es uno de los pilares fundamentales para desarrollar nuevas estrategias de manejo. El objetivo del presente trabajo fue analizar la variabilidad genética en aislamientos de *Fusarium* spp. recolectados en distintas localidades de las provincias de Salta y Jujuy empleando la secuencia EF1alpha (*elongation factor*). Se realizó la extracción de ADN de micelio de 10 días de activo crecimiento de 9 aislamientos monospóricos del patógeno. A partir del ADN extraído se amplificaron la región EF1alpha mediante PCR utilizando los primers EF1 y EF2. Los fragmentos amplificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa 1,5 % teñidos con Gel-RedTM y se purificaron para su posterior secuenciación. La identificación de las secuencias se obtuvo realizando una comparación con secuencias de la base de datos del NCBI (Centro Nacional de Información Biotecnológica) utilizando el algoritmo Blastn. El alineamiento de las secuencias y su comparación se realizó con ClustalW en el programa BioEdit. A partir del análisis de las secuencias se pudo identificar las variaciones presentes en las mismas y se generó un árbol de Neighbor-joining incluyendo secuencias control en el cual se agrupó a los aislamientos por especie revelando la existencia de variabilidad entre los aislamientos estudiados.

IDENTIFICACIÓN DE SIMBIOTES INTESTINALES EN *Anastrepha fraterculus* (DIPTERA: TEPHRITIDAE)

Maldonado L¹, C Conte¹, J Silberman^{2,3}, M Mannino¹, L Pimper¹, J Cladera¹, D Segura^{1,3}, S Lanzavecchia¹. ¹Laboratorio de Genética de Insectos de Importancia Económica. IGEEAF. INTA-Castelar., ²Laboratorio de Microbiología. Instituto de Suelos. CIRN. INTA-Castelar., ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y técnicas (CONICET).
e-mail: cconte@cnia.inta.gov.ar

La mosca sudamericana de la fruta, *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae), es una de las plagas de frutales más importantes en Argentina y el continente americano. Actualmente para su control se encuentra en desarrollo una estrategia de bajo impacto ambiental, la Técnica del Insecto Estéril (TIE). Está descrito que en moscas de la fruta, la competitividad sexual de los machos está estrechamente relacionada con el estado nutricional de los insectos adultos y a su vez con los microorganismos simbiotes del intestino, que permiten la incorporación de nutrientes esenciales. Estudios sobre el desempeño de los machos estériles durante el apareamiento permitirían aportar conocimientos para el desarrollo de la TIE en esta especie. Con el objetivo de iniciar la descripción y caracterización de la diversidad bacteriana intestinal de *A. fraterculus*, se obtuvo ADN de intestinos de insectos adultos de la línea del IGEEAF y se amplificó por PCR una región del *16S rADN*. Luego del clonado se secuenciaron los productos obtenidos. Paralelamente se realizó electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE). Las secuencias nucleotídicas obtenidas fueron comparadas con Blastn y se identificaron exitosamente bacterias de los géneros *Klebsiella* y *Citrobacter*, entre otras. Asimismo, con DGGE se observaron perfiles diferenciales. Se continúa el análisis para la identificación de bacterias en la línea del IGEEAF e insectos silvestres. Las técnicas aplicadas demostraron ser eficientes para la identificación molecular de especies bacterianas intestinales en *A. fraterculus*.

IDENTIFICACIÓN POR ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE HONGOS DE PUDRICIÓN BLANCA NATIVOS DE MISIONES

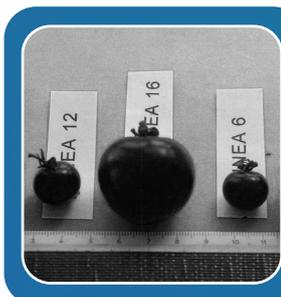
Gonzalez EA, CN Martinez, ML Castrillo, MI Fonseca, PD Zapata, LL Villalba. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología InBioMis. Universidad Nacional de Misiones. Ruta 12 km 71/2. Posadas, Misiones, Argentina.
e-mail: estebano78@gmail.com

En Argentina, se han descrito varias especies de hongos de pudrición blanca (WRF) secretores de enzimas con características interesantes para su uso en aplicaciones biotecnológicas. Es por ello que resulta fundamental la identificación correcta del hongo. Antiguamente las clasificaciones sistemáticas típicas se realizaban únicamente por caracteres morfológicos, en la actualidad son complementados mediante la utilización de herramientas moleculares. El objetivo del presente trabajo fue identificar por análisis filogenético dos cepas de WRF nativos de la provincia de Misiones. Para ello se amplificó y secuenció la región transcripta interna mediante la utilización de cebadores universales ITS 1 e ITS 4. Con el programa *Geneius 3.6.1* se obtuvo el contiguo consenso a partir del cual se realizó un análisis de similitud mediante la herramienta *Pairwise sequence alignment* de la base de datos secundaria "curada" *Fungal barcoding* (<http://www.fungalbarcoding.org>). Se seleccionaron aquellas secuencias con mayor porcentaje de similitud, y se analizaron filogenéticamente tanto por el programa *Geneius 3.6.1* así como por *Mega 5.1* por el método estadístico de *Neighbor-Joining* utilizando el *test* de *bootstrap* con 1000 replicaciones y el modelo *Tamura-Nei* para el cálculo de distancia genética. Fue posible identificar mediante la formación de clados monofiléticos, a los basidiomicetes nativos de Misiones con una identidad máxima del 99 % con *Trametes villosa* y del 99,8 % con *Pycnoporus sanguineus*.

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE UNA CEPA FÚNGICA NATIVA DE LA PROVINCIA DE MISIONES

Martinez CN, EA Gonzalez, ML Castrillo, MI Fonseca, PD Zapata, LL Villalva. Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología Misiones–InBioMis. Ruta 12 km 7 1/2. Campus Universitario. Posadas, Misiones, Argentina.
e-mail: biotecmol2010@gmail.com

La utilización de caracteres morfológicos para la identificación de cepas fúngicas es una herramienta sumamente importante, pero escasa para llegar a la identificación de especies de manera certera. Por tal motivo nuestro objetivo fue identificar una cepa perteneciente al Phylum Basidiomycetes a través de herramientas bioinformáticas para complementar su identificación morfológica. A partir del material genético extraído de una cepa nativa, previamente clasificada morfológicamente como perteneciente al Phylum Basidiomycetes, se logró amplificar y secuenciar la región ITS1-5,8S-ITS2 mediante la utilización de cebadores universales ITS 1 e ITS 4. Una vez obtenida la región de interés y su secuencia consenso por medio del programa CAP3, se procedió a contrastar la información obtenida con la existente en las bases de datos, mediante la herramienta Blast (*Basic Local Alignment Search Tool*) del NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) y la herramienta *Pairwise sequence alignment* del Fungal *barcoding* disponibles *on line*. Fueron seleccionadas 33 secuencias, evaluadas de acuerdo al porcentaje de similitud, se alinearon y editaron mediante el *software MEGA 5.1* y posteriormente se analizaron filogenéticamente por medio de los algoritmos *Neighbor-joining*, *Máximum Parsimonia*, *Mínimum Evolution*, UPGMA y un *test de bootstrap* con 1000 repeticiones. Mediante la construcción de clados monofiléticos, fue posible identificar a la cepa nativa de Misiones con un 98 % de identidad como *Trametes versicolor*.



GMV

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL

HEREDABILIDAD DE LA RESISTENCIA A LA ROYA COMÚN (*P. melanocephala*) EN FAMILIAS FS DE CAÑA DE AZÚCAR

Simón GE¹, NG Collavino², JA Mariotti², L Gray¹. ¹Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, ²Laboratorio de Marcadores Moleculares, Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta.
e-mail: simongraciela@yahoo.com

Se registran antecedentes sobre el modo de herencia de la resistencia a la roya común, la que sería poligénica u oligogénica, con efectos principalmente aditivos y de interacción génica. Resulta importante identificar genotipos resistentes en los programas de mejora para su selección. Esta enfermedad causada por *Puccinia melanocephala*, es de gran impacto sobre la producción. El objetivo del trabajo es estimar la heredabilidad del carácter de resistencia utilizando la regresión de progenies sobre progenitores. Se realizó un experimento tipo BIP con base en 8 familias biparentales cada una integrada por 30 progenies FS y replicadas a campo en un diseño en bloques. La resistencia fue evaluada en tres cortes y años sucesivos, utilizando una escala internacional (0-9). Se identificaron cuatro categorías: Resistentes (0-1), Moderadamente Resistentes (2-3), Moderadamente Susceptibles (4-6) y Susceptibles (7-9). Para estimar la heredabilidad en el sentido estricto se realizó un análisis de regresión de la progenie sobre progenitor medio. La regresión estimada resultó altamente significativa, con un valor de $b_{op} = 0,66$ y un R^2 de 0,48. Esta estimación atribuida principalmente a los efectos aditivos de los genes puede resultar distorsionada por otros efectos genéticos relacionados, dada la compleja naturaleza de los híbridos de *Saccharum* spp. El valor estimado resulta útil para orientar en futuros cruzamientos las mejores combinaciones híbridas con el propósito de incrementar la frecuencia de genotipos resistentes en las progenies derivadas.

DETECCIÓN MOLECULAR DE AGENTES CAUSALES DE ROYA EN CAÑA DE AZÚCAR Y DE GENES DE RESISTENCIA

Racedo J¹, MF Perera¹, R Bertani¹, S Ostengo¹, MI Cuenya¹, A D'Hont², B Welin¹, AP Castagnaro¹. ¹Instituto de Tecnología Agropecuaria del Noroeste Argentino (ITA-NOA). Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres-CONICET, ²Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD). UMR AGAP, Montpellier cedex, France.
e-mail: joracedo@gmail.com

La roya marrón (*Puccinia melanocephala*) y la roya naranja (*P. kuehni*) causan importantes pérdidas de rendimiento en caña de azúcar en el mundo. Dada la dificultad para distinguir estas enfermedades visualmente, es esencial contar con técnicas de diagnóstico específicas. El método más eficiente para controlar la enfermedad es el uso de variedades de caña de azúcar resistentes. Recientemente se ha descrito un gen mayor, *Bru1*, que confiere resistencia a un amplio espectro de razas de *P. melanocephala*, y se dispone de marcadores moleculares asociados a éste. Por estas razones, se planteó optimizar métodos de diagnóstico molecular de ambos patógenos y estudiar la utilidad de *Bru1* en germoplasma local para predecir un fenotipo resistente. Se colectaron 30 muestras de plantas con síntomas de roya y se optimizaron las condiciones de extracción de ácidos nucleicos para la amplificación del ADNr de hongos con 5 pares de cebadores. Todas las muestras sintomáticas fueron positivas para *P. melanocephala* y negativas para *P. kuehni*. En cuanto al estudio de resistencia a roya, se evaluó la presencia de *Bru1* y el fenotipo resistente/susceptible de 129 genotipos a campo. Se encontraron 49 genotipos resistentes, 8 de los cuales presentaron el gen *Bru1*. Se concluye que los protocolos optimizados constituyen herramientas de diagnóstico específicas para ambos patógenos. Por otra parte, los marcadores asociados a *Bru1* permitieron detectar al menos una fuente adicional de resistencia y posibilitarán la selección positiva de variedades resistentes bajo condiciones locales.

MARCADORES MORFOLÓGICOS PARA LA DETECCIÓN DE DIFERENCIAS Y VARIABILIDAD GENÉTICA EN *Saccharum spp.*

Gutiérrez AV¹, V Castillo¹, D Rodríguez¹, NG Collavino¹, JA Mariotti².

¹Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

e-mail: angela_veronicag@hotmail.com

La caracterización morfológica en las colecciones se ha utilizado tradicionalmente con la finalidad de diferenciar accesiones y para su registro formal. Este trabajo utiliza los marcadores morfológicos para diferenciar pero también para detectar diversidad genética en híbridos *Saccharum spp.* que integran la colección del INTA. Para ello se seleccionaron 64 accesiones de interés fitotécnico. Las accesiones fueron caracterizadas en 59 marcadores morfológicos cualitativos y cuantitativos, sugeridos por UPOV, con mediciones directas o escalas objetivas. Las mediciones fueron replicadas utilizándose las medias para su análisis. En razón de que se trata de una estructura multidimensional compleja los datos fueron analizados con diferentes estrategias. Se estimaron parámetros de posición y dispersión, correlaciones y se aplicaron diferentes enfoques multivariados: árboles de similitud (UPGMA), coordenadas principales y análisis discriminante. El dendrograma permitió diferenciar la totalidad de las accesiones. Las muestras duplicas se reconocieron próximas (distancia 0,09). El análisis de coordenadas principales explicó el 64 % de la variabilidad con base en cuatro componentes principales. El análisis discriminante, identificando orígenes con un árbol de distancias mínimas, distinguió sin errores tres orígenes (US, FAM, R). En cuanto a otros orígenes (NA, TUC, Louisiana) se identificaron correctamente 40 accesiones. Las no identificadas (28,13 %) resultan confundidas, lo que seguramente se explica porque derivan de materiales cercanamente emparentados por su adaptación subtropical.

ESTUDIOS DE LAS BASES GENÉTICAS DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN EL CULTIVAR DE TRIGO BUCK PONCHO

Darino MA, MJ Dieguez, MF Pergolesi, MV Lopez, LR Ingala, F Sacco.

Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA-INTA CC25 (1712) Castelar, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: mdarino@cnia.inta.gov.ar

La roya de la hoja, causada por el hongo biótrofo *Puccinia triticina*, es una de las enfermedades más importantes del trigo en nuestro país. Las poblaciones del patógeno poseen gran capacidad para generar nuevas formas virulentas que se adaptan a los nuevos cultivares comerciales. Sin embargo, existen variedades conocidas como portadoras de resistencia durable, que no presentan niveles importantes de infección aún luego de alcanzar gran difusión en el cultivo como la variedad Buck Poncho. El objetivo de este trabajo consistió en la identificación y caracterización de genes de resistencia a roya en esta variedad y su validación a campo frente a infecciones naturales del patógeno. La detección de los genes de resistencia se realizó mediante infecciones artificiales en plántula y planta adulta, sobre una población F9 de líneas recombinantes homocigotas de B. Poncho X la línea susceptible Purplestraw, utilizando 13 razas del patógeno. Se utilizó la metodología de Análisis de Grupos Segregantes para localizar marcadores del tipo microsatélites asociados a los genes de resistencia y conocer su posición cromosómica. Se identificaron al menos 3 genes de resistencia, dos de expresión en plántula y uno de expresión en planta adulta. De los 2 genes en plántula, uno es el Lr10 localizado en el cromosoma 1A y el otro un nuevo gen localizado en el cromosoma 2D. El tercer gen, se localizó en el cromosoma 6A y se trataría de un nuevo gen de expresión en planta adulta. La combinación de los efectos de los tres genes de resistencia explicaría la resistencia de B. Poncho observada a campo.

EFECTOS DEL GEN *Eps-A^m1* ASOCIADO A PRECOCIDAD INTRÍNSECA EN *Triticum monococcum* INTRODUCIDO EN *T. turgidum* ssp. *durum*

Alvarez MA^{1,2}, SM Lewis¹, ML Appendino³, J Dubcovsky^{2,4}, G Tranquilli¹.

¹Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, ²Dept. Plant Sciences, University of California, Davis, CA 9561, USA, ³Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. (1417) -Buenos Aires- Argentina, ⁴Howard Hughes Medical Institute, Chevy Chase, MD 20815, USA.

e-mail: gtranquilli@cnia.inta.gov.ar

El gen de precocidad intrínseca *Eps-A^m1*, asociado con diferencias en el ciclo y en componentes de rendimiento, fue identificado en *Triticum monococcum* ($2n = 2x = 14$, genomas $A^m A^m$) y mapeado en el cromosoma $1A^mL$ por nuestro grupo de trabajo. Dado que la domesticación de *T. monococcum* es independiente de la domesticación del trigo poliploide (genoma A), nos planteamos que pueden transferirse características agronómicas deseables desde el genoma A^m a los trigos cultivados. Mediante ingeniería cromosómica, lograda por recombinación homeóloga entre los cromosomas $1A^m$ y $1A$, transferimos un segmento cromosómico portador del gen *Eps-A^m1* de la línea DV92 a *T. turgidum* ssp. *durum* ($2n = 4x = 28$, AABB). El segmento transferido abarca aproximadamente 30cM, estimado mediante caracterización con marcadores moleculares. Por retrocruzas con una línea tetraploide de trigo candeal (CBW0112) y selección asistida por marcadores moleculares, desarrollamos líneas cuasi isogénicas (BC5F3) que fueron evaluadas en ensayos conducidos bajo diferentes condiciones ambientales, para determinar efectos del gen sobre periodo a espigazón y número de espiguillas por espiga. Todos los experimentos mostraron que las líneas portadoras de *Eps-A^m1* (+/+) florecieron significativamente más tarde y tuvieron mayor número de espiguillas por espiga que las líneas sin el gen (-/-). La magnitud de estos efectos es comparativamente menor al observado en *T. monococcum*. Es posible especular que en las líneas tetraploides *Eps-A^m1* cuenta con un homeólogo en el genoma B, que enmascara sus efectos.

EFECTO DE LA PRECOCIDAD SOBRE LA FLORACIÓN EN UNA POBLACIÓN SEGREGANTE DE RILs DE TRIGO PAN

Lombardo LA, MM Nisi, M Helguera. INTA Marcos Juárez. e-mail: llombardo@mjuarez.inta.gov.ar

La floración del trigo ($2n = 6x = 42$, AABBDD) es un evento controlado genéticamente por tres factores: requerimiento de vernalización, sensibilidad al fotoperíodo y precocidad intrínseca o *earliness per se* (*Eps*). Los genes de vernalización (*Vrn*) y fotoperíodo (*Ppd*) actúan en respuesta a estímulos ambientales (frío, horas luz por día) y los genes *Eps* se asocian con diferencias en floración del trigo una vez que los requerimientos de vernalización y fotoperíodo han sido satisfechos. En este trabajo se desarrolló una población segregante de 85 RILs estabilizada en F8 a partir del cruzamiento de Baguette 11 (tardía) y Biointa 2001 (precoz) con el objetivo de evaluar el efecto de *Eps* sobre floración. Cada individuo de la población fue caracterizado molecularmente en función de alelos segregantes para vernalización (*Vrn-A1*) y fotoperíodo (*Ppd-D1*) y fenotípicamente respecto a *Eps* (floración precoz o tardía en condiciones de fotoperíodo y vernalización satisfecha). Se realizó un ensayo a campo (tres fechas de siembra con tres repeticiones) determinándose días a espigazón. El ANOVA mostró efecto altamente significativo de *Eps* sobre floración independientemente de la fecha de siembra. De la variabilidad total observada *Eps* explicó 6,30, 7,16 y 14,06 % por fecha de siembra. No hubo interacción entre *Eps* y *Vrn-A1* y/o *Ppd-D1* en ninguna de las 3 fechas. Las plantas clasificadas como precoces espigaron 5,63, 5,29 y 6,61 días más temprano que las tardías. Estos resultados muestran un efecto consistente de *Eps* sobre espigazón, independiente de vernalización, fotoperíodo y fecha de siembra.

EFECTIVIDAD DE LA SELECCIÓN TEMPRANA POR ALTA FERTILIDAD DE LA ESPIGA DE TRIGO PAN

Martino DL¹, PE Abbate¹, AC Pontaroli^{1,2}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP-EEA Balcarce INTA); Ruta 226 Km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina, ²CONICET.

e-mail: apontaroli@balcarce.inta.gov.ar

La selección por alta fertilidad de espiga (FE) y la obtención rápida de líneas avanzadas con alta FE podrían contribuir al mejoramiento del rendimiento y a la eficiencia de los programas de mejoramiento genético. La aplicación del método de descendencia de una sola semilla (DSS) podría contribuir al logro de este objetivo. Para generar información sobre la efectividad de la selección por alta FE en generaciones tempranas y el avance rápido de generaciones mediante DSS sin selección se analizó, en ensayos de campo, la FE de 143 plantas F_2 , provenientes de un cruzamiento entre variedades contrastantes para la FE (Baguette 10 x Klein Chajá) y la FE de líneas F_5 derivadas de las mismas a partir del método DSS sin selección. En madurez fisiológica se colectaron las espigas, y la FE se calculó como el cociente entre el número de granos y el peso seco de las espigas sin granos, de cada planta en el caso de la F_2 , y de 15 espigas por línea en la generación F_5 . El valor obtenido de heredabilidad en sentido amplio de la FE mediante la regresión progenie-progenitor fue 0,34 y el valor de la heredabilidad realizada (*i.e.* la diferencia entre la media del grupo seleccionado y la de la población en la F_5 , expresada como valor relativo de la diferencia equivalente en la F_2) estimado fue de 0,39. Estos resultados indican que la FE es un carácter de moderada heredabilidad y que la selección de plantas en generaciones tempranas por alta FE y el avance rápido de generaciones mediante DSS sin selección permite obtener rápidamente y en un espacio reducido, líneas estabilizadas con alta FE.

CARACTERES ASOCIADOS CON LA TOLERANCIA AL VUELCO EN TRIGO PAN EN EL SUDESTE BONAERENSE

Mirabella NE¹, PE Abbate¹, AC Pontaroli^{1,2}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP-EEA Balcarce INTA); Ruta 226 Km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina., ²CONICET.

e-mail: nemirabella@gmail.com

Frecuentemente el logro de un alto rendimiento de trigo pan se ve obstaculizado por el riesgo de vuelco. El vuelco es la pérdida de la normal posición vertical de los tallos. Para que la tolerancia al vuelco pueda ser considerada en el proceso de mejoramiento genético, sería deseable conocer qué caracteres de la planta se asocian al mismo y puedan ser evaluados fácilmente. La mayor parte de la información disponible se ha generado con cultivares extranjeros y en ambientes distintos a los del sudeste de Bs. As. El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre el grado de tolerancia al vuelco y caracteres propuestos en la bibliografía, en cultivares de trigo pan evaluados a campo en el sudeste de Bs. As. Se evaluaron 16 cultivares en un ensayo comparativo de rendimiento correspondiente a la Red de Evaluación de Variedades de Trigo conducida con alta tecnología (RET-AT), de INTA Balcarce en 2010/11. El grado de tolerancia al vuelco se calculó como el promedio de los desvíos del índice de vuelco de cada cultivar en la RET-AT de cuatro ciclos agrícolas. Se evaluaron 9 variables presuntamente asociadas al vuelco. Como resultado, se encontraron diferencias significativas entre cultivares para las variables estudiadas. La variable más asociada con la tolerancia al vuelco resultó ser la altura de la planta ($R^2= 0,50$; $GL= 14$; $P= 0,0023$). Estos resultados muestran que la altura sigue siendo el factor más importante en la tolerancia al vuelco aún en cultivares modernos con genes de enanismo incorporados

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y MOLECULAR DE HAPLOTIPOS DE *Ppd-A1* EN TRIGO PAN

Lombardo LA, MM Nisi, GD Fissore, M Helguera. INTA Marcos Juárez. e-mail: llombardo@mjuarez.inta.gov.ar

La respuesta a fotoperiodo juega un rol central en la espigazón del trigo pan (*Triticum aestivum* L. $2n=42$ genomas AABBDD). *Ppd-D1* ubicado en el cromosoma 2D, es el gen principal en el control de la respuesta fotoperiódica de trigo, no obstante el locus *Ppd* se encuentra presente también en los cromosomas 2A y 2B. En este trabajo se desarrolló un marcador molecular tipo CAP de *Ppd-A1* (copia del genoma A). Con la finalidad de evaluar el efecto de haplotipos de este gen en una población biparental de 85 RILs F8 provenientes de la cruce BioINTA 2001 (B01)/Baguette 11 (B11), se realizó un ensayo con 3 fechas de siembra (fotoperiodos promedios de 11,82, 12,50 y 13,02 horas luz, respectivamente) considerando tres repeticiones por fecha y se determinó la variable días a espigazón desde emergencia por RIL. Para desarrollar el marcador CAP haplotipo-específico con el que se caracterizó la población se secuenció parcialmente *Ppd-A1* de B01 y B11 identificándose 7 SNPs de los cuales uno genera un polimorfismo de restricción. El ANOVA mostró un efecto altamente significativo de *Ppd-A1* sobre floración independiente de la fecha de siembra. Las plantas portadoras del haplotipo B01 espigaron 2,5 días más tarde que las portadoras del haplotipo B11 (90,32 vs. 87,82 días). Al particionar el análisis por fecha de siembra se observa un decaimiento en el efecto de *Ppd-A1* sobre la variable ($p=0,02$, $p=0,07$ y $p=0,189$) correlacionado con el incremento en fotoperiodo. Por último se caracterizó un set de 24 variedades de trigo pan de las cuales 10 presentaron el haplotipo B11 (58 %) y 14 B01 (42 %).

MASAS METABÓLICAS EN EXUDADOS FLOEMÁTICOS DE TRIGOS PANES ARGENTINOS CULTIVADOS BAJO DOS SUMINISTROS DE NITRÓGENO

Basile SML, MM Burrell, JA Cardozo, C Steels, F Kallenberg, JA Tognetti, H Dalla Valle, JW Rogers. Laboratorio de Biología Funcional y Biotecnología (CIC-BIOLAB AZUL) CIISAS, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires. e-mail: marisol_basile@yahoo.com.ar

El análisis de los metabolitos presentes en los exudados floemáticos es un indicador válido de los compuestos que estarán en los futuros granos y del efecto de la fertilización nitrogenada. Se realizó entonces, un ensayo con un DBCA donde el tratamiento de nitrógeno (N) fue la parcela principal y el cultivar (cv) la subparcela. Los exudados de 8 cv argentinos de trigo pan contrastantes en calidad panadera, se analizaron por ionización por electrospray (ESI) y espectrometría de masa por tiempo de vuelo (TOF-MS). El análisis de componentes principales (ACP) de las intensidades de las señales de las masas en CP1 vs. CP2 explicó el 56,5 % de la variación. Los cv fueron parcialmente discriminados por estos análisis, y ciertas masas fueron identificadas como altamente influyentes en las disgregaciones. Algunas masas mostraron diferencias entre cv pertenecientes a diferentes grupos de calidad. Se identificaron diferencias por ACP entre los tratamientos de N, aunque menos marcadas que las encontradas entre cv. Aún así, algunas masas mostraron notables diferencias en los valores obtenidos en el tratamiento con N en comparación con el testigo, lo que podría ser importante para explicar los efectos de la aplicación de N sobre ciertas características. Tres masas fueron significativas para la interacción cultivar-tratamiento y mostraron cambios en el ranking de cv con respecto al tratamiento de N. Se determinaron los grupos a los que se asignan estas masas; resta identificar los metabolitos involucrados entre los candidatos putativos y si las relaciones observadas son causales.

ESTUDIO DE LA HEREDABILIDAD DEL CONTENIDO DE CLOROFILA EN PLANTAS DE TRIGO SOMETIDAS A ESTRÉS BIÓTICO

Tacaliti MS¹, E Tocho², VL Saldúa¹, AM Castro^{1,2}. ¹Genética, Fac. de Cs. Agrarias, UNLP, ²INFIVE CCT La Plata CONICET.
e-mail: msilviatacaliti@yahoo.com.ar

El trigo (*Triticum aestivum* L) está expuesto a múltiples factores causantes de estrés biótico y que generan significativas pérdidas en su producción mundial. En el cromosoma 6A de trigo se ha identificado un elevado número de QTLs y genes relacionados con la tolerancia al estrés que harían disminuir esas pérdidas productivas. Uno de los parámetros en los que se basa la selección de materiales tolerantes es la persistencia de la clorofila. Por eso resulta de interés conocer la heredabilidad del contenido de clorofila en plantas sometidas a estrés. Se trabajó en una población de trigo constituida por plantas progenitoras (madre y padre), las F1 y las F2. En la generación F2 se seleccionó un 10 % de plantas superiores por presentar mayor tasa de crecimiento en estado de coleoptilo al ser asperjadas con etileno. En segunda hoja expandida fueron infestadas con pulgón ruso (*Diuraphis noxia*), mostrando un nivel alto de tolerancia. El contenido de clorofila (CC) se determinó en ese estado mediante un método no destructivo. La heredabilidad en sentido amplio del CC fue de 0,73, valor elevado que permitiría concluir que las plantas que seleccionadas fueron las que lograron inducir sus genes de resistencia con mayor eficacia. Estos resultados son de importancia con vistas a la mejora de la tolerancia al estrés en trigo.

EFFECTOS DEL GEN GPC-B1 EN DIFERENTES AMBIENTES Y SU EXPRESIÓN DURANTE LA SENESCENCIA EN TRIGO PAN

Tabbita F¹, M Kade², SM Lewis¹, AJ Barneix². ¹Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA, (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, ²Instituto de Suelos, CIRN, INTA, (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.
e-mail: slewis@cni.inta.gov.ar

La concentración de proteínas en el grano (CPG) es uno de los caracteres que determinan el valor económico y nutricional de los cultivos destinados a panificación. El gen *Gpc-B1* para alta CPG, localizado en el cromosoma 6B proveniente de *Triticum turgidum* var. *dicoccoides*, pertenece a una familia de factores de transcripción denominada NAC involucrados en procesos de desarrollo y senescencia. El trigo pan incluye otros NAC en los cromosomas 2D, 6A, 6D y 2B. *Gpc-B1* fue introducido en dos fondos genéticos (BioINTA 3000 y ProINTA Granar) con el objetivo de cuantificar su efecto sobre la CPG y el rendimiento en distintos ambientes con y sin fertilización. Asimismo, se cuantificó su expresión (perfiles transcripcionales) durante la senescencia mediante Real Time qPCR. La incorporación de *Gpc-B1* produjo un incremento de la CPG en todos los tratamientos. No hubo interacción entre la presencia del gen y la fertilización; sí se observaron interacciones entre *Gpc-B1* y el ambiente. El rendimiento no fue afectado por la incorporación del gen. Los perfiles transcripcionales mostraron diferencias de expresión de los genes NAC entre las líneas BioINTA 3000 y ProINTA Granar (ambas con *Gpc-B1*), y entre las líneas sin el gen (líneas controles). Dentro de las líneas con fondo BioINTA 3000 (con y sin *Gpc-B1*) no hubo una marcada diferencia en la expresión de los genes NAC, mientras que en aquellas con fondo ProINTA Granar la expresión de los mismos fue significativa. La incorporación de *Gpc-B1* en los trigos argentinos permitirá una mejora de la calidad sin detrimento del rendimiento.

CARACTERIZACIÓN DE LÍNEAS DE TRIGO QUE EXPRESAN EL TRANSGEN SARK::*IPT* BAJO ESTRÉS HÍDRICO

Beznec A^{1,2}, P Faccio¹, C Décima Oneto¹, I Baroli^{1,2}, G Soto², E Bossio¹, E Blumwald⁴, B Llorente³, A Díaz Paleo¹. ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, ²CONICET, ³Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, ⁴Department Plant Sciences, University of California.

e-mail: ebossio@cnia.inta.gov.ar

Ha sido demostrado en tabaco y arroz que la sobre-expresión inducida del gen isopenteniltransferasa (IPT), que codifica la enzima limitante de la biosíntesis citocininas, bajo el control transcripcional del promotor del gen SARK (*Senescence Associated Receptor Kinase*) de poroto retarda la senescencia y aumenta la tolerancia al déficit hídrico. Con el objetivo de generar plantas de trigo (*Triticum aestivum* L.) tolerantes a la sequía se introdujo el cassette SARK: ipt en la variedad ProINTA Federal (PIF) mediante biolística. Se determinó por PCR y por Southern Blot la presencia del transgén SARK: ipt en las plantas regeneradas y en las progenies derivadas. Mediante auto-fecundación se obtuvieron seis líneas homocigotas independientes, las cuales fueron sometidas a déficit hídrico durante 24 días, en el intervalo que abarca desde los días previos a la aparición de hoja bandera hasta antesis inclusive. Se realizaron cinco muestreos a lo largo del tiempo en las líneas transgénicas con y sin déficit hídrico para caracterizar la expresión del transgén mediante RT-qPCR. Se relacionó la presencia del transcripto con parámetros fisiológicos y de rendimiento. Se obtuvo que el índice de cosecha fue afectado severamente (45 %) en las plantas WT con riego limitado; mientras que en una de las líneas transgénicas la reducción fue mínima (16 %). El mayor rendimiento se debería al incremento en el peso de los granos individuales, indicando los efectos positivos de IPT en el fortalecimiento de la espiga como destino de asimilados.

EVALUACIÓN DE PLANTAS DE TRIGO CON EXPRESIÓN DEL TRANSGEN SN-1 FRENTE A *Fusarium graminearum*

Teves P¹, A Beznec^{1,2}, R Comerio³, C Vázquez-Rovere⁴, E Bossio¹, P Faccio¹, A Díaz Paleo¹. ¹IGEAF, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina, ²CONICET, Argentina, ³IMyZA, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina, ⁴Instituto Biotecnología, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: pfaccio@cnia.inta.gov.ar

Una de las estrategias actualmente en estudio para aumentar la resistencia de las plantas frente al ataque de hongos fitopatógenos es la expresión constitutiva de péptidos antimicrobianos. En estudios previos se obtuvieron sobre el fondo genético de la variedad ProINTA Federal (PIF) las líneas transgénicas sn178 y sn389, con expresión constitutiva del transgén sn-1 que codifica para el péptido antimicrobiano snakín-1 proveniente de *Solanum chacoense*. Al desafiar estas líneas en ensayos *in vitro*, con el hongo *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, se observó un aumento en la tolerancia a la infección. Entre las enfermedades fúngicas más perjudiciales para el cultivo de trigo, se encuentra la "fusariosis", causada por *Fusarium graminearum*, que coloniza los tejidos florales pudiendo causar aborto floral y disminución del desarrollo de los granos, entre otros perjuicios. En el presente trabajo, plantas de las líneas transgénicas de trigo sn178 y sn389, con expresión del transcripto de sn-1 en hoja y espiga verificada por RT-PCR, fueron desafiadas con *F. graminearum*. Se inocularon las espiguillas centrales de espigas en antesis y se incubaron en condiciones de alta humedad relativa para promover la infección. El grado de desarrollo de la enfermedad se evaluó a los 20 días post-infección, en plantas transgénicas y controles PIF, Oasis y Sumai. Se observaron diferencias significativas entre PIF y sn178, que indicarían un aumento en la tolerancia a fusariosis debida a la expresión del transgén sn-1.

TEST DE ALELISMO ENTRE GENOTIPOS INDUCTORES DE MUTACIONES DE HERENCIA MATERNA EN CEBADA

Petterson ME, VE Brizuela, AM Landau, MG Pacheco, A Martínez, AR Prina. Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA INTA Castelar. pcia. de Buenos Aires.
e-mail: aprina@cni.inta.gov.ar

Los genotipos inestables se han postulado como herramientas útiles para ampliar la variabilidad genética, sobre todo la que se presenta en genes altamente conservados como los residentes en los plástidos. Este es el caso del genotipo mutador de cloroplastos de la cebada, que se ha descrito como regulado por un gen nuclear (Cpm/cpm), que en estado homocigota recesivo induce una gran diversidad de fenotipos mutantes de herencia materna y una gran variedad de polimorfismos en el ADN de los plástidos. En la colección de mutantes de genética inestable del IGEAF (Instituto de Genética "Ewald A. Favret") existe otra familia de similares características fenotípicas al mutador mencionado. En este trabajo se busca realizar una prueba de alelismo entre ambos. Para ello y teniendo en cuenta que en cebada la herencia de los plástidos es 100 % materna, se requiere en primera instancia desactivar la actividad mutadora mediante retrocruzas de las plantas de ambas familias, utilizándolas como padre, con plantas normales (genotipo no mutador). Se obtienen así plantas heterocigotas portadoras de plástidos normales que luego se cruzan entre sí y se autofecundan para realizar el estudio de los efectos mutadores (frecuencia de mutantes clorofílicas, quiméricas y/o sólidas) en las poblaciones segregantes. Se presentan los resultados de estos análisis que indican que la inestabilidad genética observada en ambas familias se origina en alelos mutantes que corresponden al mismo gen nuclear, cuya función, que se está intentando dilucidar, estaría relacionada con la reparación del ADN de los plástidos.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE GENOTIPOS DE ARROZ PARA VIGOR GERMINATIVO Y POLIMORFISMOS DE ADN ASOCIADOS

Meichtry MB, ML Bonell, AB Livore. INTA-EEA Concepción del Uruguay.
e-mail: belenmeichtry@gmail.com

El vigor germinativo (VG) es un carácter importante en el desarrollo de variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) con alto potencial de rendimiento. Está determinado por la capacidad del embrión, dentro de la semilla, para reanudar su actividad metabólica de manera coordinada y secuencial. Es controlado genéticamente e influenciado por la temperatura. Alto VG a bajas temperaturas, determina una alta tasa de crecimiento de la plántula, permitiéndoles un rápido y homogéneo crecimiento a campo. Mediante diferentes técnicas se han identificado regiones genómicas y/o genes candidatos asociados al carácter. Se caracterizaron fenotípicamente 23 genotipos pertenecientes a las subespecies *O. sativa* sp. *índica* y *O. sativa* sp. *japónica* por su VG a baja temperatura (16° C) utilizando 4 índices que evalúan las semillas germinadas a los 4, 7 y 14 días. Los genotipos fueron clasificados en bajo, intermedio y alto VG, teniendo como referencia testigos, utilizando ANOVA y Test de Comparación de medias DGC. Se caracterizaron molecularmente utilizando microsatélites y marcadores de polimorfismo de nucleótido simple (SNP) en el gen candidato Acetil-CoA carboxilasa. Los genotipos Puitá INTA CL, IRGA 417, El Paso 144, Cambá pertenecientes a la subespecie *índica*, y L201 perteneciente a la subespecie *japónica* tropical mostraron elevado VG. Las relaciones genéticas entre los 23 genotipos representadas en un dendograma, mostraron que los polimorfismos de ADN empleados fueron útiles para discriminar entre subespecies *índica* y *japónica*, pero no por sus diferencias en vigor germinativo

COMPORTAMIENTO A SALINIDAD DE ARROCES DE CALIDAD ESPECIAL PROVENIENTES DE VARIACIÓN SOMACLONAL

Rachoski M¹, A Gázquez¹, A Rodríguez¹, R Bezus², A Vidal², S Maiale¹.
¹UBI IIB-INTECH, ²Programa Arroz UNLP.
e-mail: monicamra@hotmail.com

El arroz es uno de los cereales de mayor importancia económica debido a que provee alimento a más de la mitad de la población mundial. Uno de los limitantes a la producción es el estrés salino afectando el balance hídrico, la fotosíntesis y la productividad de la planta. En este trabajo se generó variación somaclonal en dos cultivares de arroz de calidad especial, Yerua y La Candelaria, con el objetivo de mejorar su comportamiento a estrés salino. Se evaluó el comportamiento por medio del análisis OJIP, el contenido de MDA y la temperatura foliar mediante fotografías térmicas en relación a sus parentales y una línea tolerante de referencia. Se observó un aumento de los niveles de MDA en las plantas salinizadas a partir del quinto día post-salinización con mayor contenido en Yerua. Al analizar las fotografías térmicas, se observó un aumento de la temperatura foliar con el tratamiento salino en ambos cultivares a 1 día y 5 días, mientras que a los de 10 días de tratamiento solo hay cambios significativos en el cultivar La Candelaria. Al representar la evolución de la temperatura foliar a través del tiempo, puede observarse un comportamiento diferencial entre los cultivares. Se observa que los parámetros de Fv/Fm y PIabs comienzan a presentar disminución a partir del día 5 post-salinización aunque solo el PIabs presenta diferencias significativas en el día 10 para ambos cultivares. Se concluye que el método de variación somaclonal es adecuado para el mejoramiento de cultivares de calidades especiales.

SELECCIÓN GENÉTICA DE LÍNEAS MEJORADAS DE ALPISTE (*Phalaris canariensis* L.)

Cogliatti M, L Cortizo, WJ Rogers. Facultad de Agronomía, UNCPBA, (CIISAS, CIC-BIOLAB AZUL, CONICET-INBIOTEC), Av. Rep. Italia 780, (7300) Azul, provincia de Buenos Aires.
e-mail: cmax@faa.unicen.edu.ar

El alpiste es una gramínea anual que se cultiva para la producción de granos. Si bien la Argentina tiene una larga tradición en su cultivo, es poco lo que se ha invertido en el mejoramiento genético y por lo tanto lo que se siembra comercialmente son poblaciones que exhiben agudas deficiencias agronómicas. A fin de identificar genotipos promisorios para ser registradas como cultivares comerciales en el país, en 2009 se seleccionaron 18 líneas experimentales, caracterizadas por poseer un peso de mil granos (PMG) mayor o igual a 8 g. Las líneas fueron derivadas de una población originaria de Marruecos, cedida por el USDA (accesión PI 284184), la cual había sido evaluada agronómicamente en 2004, 2005 y 2006, evidenciando una adecuada adaptación a las condiciones agroecológicas de la región Centro de la pcia. de Bs. As. y exhibiendo un alto rendimiento, asociados a un elevado PMG. En 2010 se realizó la multiplicación de las semillas, y en 2011 y 2012 se realizaron las evaluaciones agronómicas en ensayos a campo, en los cuales se incluyeron tres cultivares de referencia: el cv glabro canadiense CDC-María, el cv holandés Cantate y el cv estadounidense Aldén. Los ANOVA individuales para los dos ensayos no mostraron diferencias significativas para el rendimiento, aunque el análisis conjunto sí evidenció diferencias. Respecto al PMG y la altura de las plantas, se obtuvieron diferencias en ambos ensayos, así como en el análisis conjunto. Como resultado, fue posible identificar dos líneas promisorias, S4202 y S4203, caracterizadas por un alto PMG, buen rendimiento y baja estatura.

HEREDABILIDAD DE CARACTERES ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE MATERIA SECA DE AGROPIRO ALARGADO

Pistorale S^{1,2}, A Andrés^{2,3}, M Maciel^{2,4}, M Acuña^{2,3}. ¹Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, ²Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, ³Estación Experimental Agropecuaria, INTA, Pergamino, ⁴Becaria CONICET. e-mail: susanapistorale@unnoba.edu.ar

Entre las gramíneas perennes más cultivadas en suelos con limitaciones en Argentina se destaca agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth et Dewey). Existen más de 500.000 has de pasturas en la Pampa Depresión Bonaerense que lo tienen como único o principal componente por su gran potencial como cultivo forrajero. En todo plan de mejoramiento genético es necesario el conocimiento de la variación genética heredable del material en estudio. Para los caracteres métricos, la heredabilidad es una de sus propiedades más importantes y la precisión en su estimación depende de una adecuada estimación de los componentes de varianza asociados. El objetivo del presente trabajo fue determinar la heredabilidad en sentido estricto (h^2) de caracteres morfológicos relacionados con la producción de materia seca y seleccionar las mejores familias de medio hermanos (FMH) para ser incorporadas al programa de mejoramiento de la especie. Se evaluaron 15 FMH (45 individuos/FMH) y un cultivar comercial en un DBCA con tres repeticiones en condición de planta aislada. Los caracteres evaluados por planta fueron: número de macollos, altura y diámetro de la mata, peso seco y rebrote. Se realizó ANOVA a través del paquete estadístico SAS v9.1 y se estimaron los componentes de varianza a través de la esperanza de los cuadrados medios, mientras que la h^2 se obtuvo a través de la media familiar para cada carácter. Los valores de h^2 variaron de 0,00 a 0,58 indicando la posibilidad de selección de caracteres con mayor h^2 y de interés como número de macollos ($h^2 = 0,41$) y peso seco ($h^2 = 0,32$).

EFFECTO DE LA SALINIDAD EN EL CRECIMIENTO INICIAL DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO

Maciel M¹, A Andrés², K Grunberg³. ¹CONICET-UNNOBA, ²UI INTA Pergamino-UNNOBA, ³IFRGV-CIAP INTA Cordoba. e-mail: mmaciel@pergamino.inta.gov.ar

Agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth et Dewey) es una especie forrajera de gran adaptación a suelos afectados por salinidad en la Depresión del Salado, Argentina. La salinidad afecta el crecimiento de las plantas, en particular durante el estadio de implantación del cultivo. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto de la salinidad en 12 familias de medios hermanos (FMH) creciendo en condiciones de salinidad en hidroponía. Se aplicaron 3 tratamientos (TRAT) de ClNa: C= 0mM; S1= 150mM, S2= 300mM, en un DBCA con 3 repeticiones. A los 59 dds se evaluaron 5 caracteres de crecimiento inicial: altura (ALT) (cm), número de macollos (NM), peso fresco aéreo (PFA) (g) y radicular (PFR) (g) y peso fresco total (PFT) (g). Se aplicó ANOVA a 2 criterios de clasificación mediante SAS v9.1. Se estimaron los componentes de varianza y la h^2 en base a la media familiar para cada carácter y cada tratamiento. Los resultados indicaron diferencias significativas ($p < 0,05$). Se evidenció una importante reducción del crecimiento a medida que aumentó la concentración salina. Los valores de h^2 variaron según el carácter considerado y fueron similares en los distintos TRAT para todos los caracteres (ALT: C= 0,44, S1= 0,44, S2= 0,40; NM: C= 0,21, S1= 0,35, S2= 0,26; PFA: C= 0,26, S1= 0,27, S2= 0,00; PFR: C= 0,00, S1= 0,11, S2= 0,00; PFT: C= 0,21, S1= 0,25, S2= 0,00) indicando la existencia de un importante componente genético aditivo para utilizar en selección.

CARACTERIZACIÓN INICIAL DE POBLACIONES NATURALIZADAS DE *Festuca arundinacea* SCHREB.

Vega J, H di Santo, E Castillo, A Ferreira, E Grassi, V Ferreira. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto. e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta es una especie perenne, de crecimiento otoño-invierno-primaveral, de aceptable producción de forraje en suelos con limitaciones edáficas y tolerante a sequía. El objetivo fue caracterizar la situación inicial post-ransplante de poblaciones naturalizadas en la zona central subhúmeda-semiárida de Argentina a través de características morfofisiológicas. Para ello, se utilizaron 11 poblaciones recolectadas en el Centro Sur de Córdoba y Este de San Luis y tres testigos (T1-T3). El ensayo se realizó en macetas con diseño completamente aleatorizado y 32 plantas de cada población (unidades experimentales). Los caracteres observados fueron: aspecto fenotípico, biomasa aérea otoñal, N° de panojas y producción de semilla. Los valores obtenidos se analizaron mediante ANAVA, prueba DGC para diferenciación de medias y análisis de conglomerados. Los valores medios fueron: biomasa/planta = $2,99 \pm 1,44$ g; panojas/planta = $718 \pm 4,54$ y semilla/planta = $0,87 \pm 0,75$ g. Se encontraron diferencias altamente significativas para los cuatro caracteres. Los testigos T1 y T2 fueron los de mayor biomasa, la población 3018DP superó significativamente a las restantes y todos los materiales superaron al T3. Siete poblaciones presentaron mayor número de panojas y producción de semilla que los testigos. El análisis de conglomerados (correlación cofenética = 0,923) diferenció los materiales en cuatro grupos. Dos estuvieron conformados por testigos T1+T2 y T3, mientras que las poblaciones se dividieron en otros dos grupos, coincidentes con alto y bajo número de panojas y producción de semilla.

SELECCIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALE FORRAJERO

di Santo H, G Carena, E Grassi, A Ferreira, E Castillo, V Ferreira. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto. e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

El Triticale es un híbrido interespecífico que se emplea en la Argentina como recurso forrajero invernal para la producción de pasto y grano. Con el objetivo de seleccionar materiales aptos para uso forrajero, en la UN de Río Cuarto se realizaron ensayos comparativos de líneas avanzadas de triticale durante 2010, 2011 y 2012. Se probaron 47 líneas propias e introducidas por cooperación con el CIMMYT, mediante Diseño Aumentado con 5 testigos para ajustar los valores en cada bloque. La parcela experimental consistió en 7 surcos de 5 m a 0,20 m entre líneas. Los caracteres evaluados fueron: cantidad de materia seca (MS) en tres cortes (1C, 2C y 3C), MS acumulada en los tres cortes (S3C), MS acumulada hasta hoja bandera (HB) y peso de grano (PG). Con los valores ajustados obtenidos se confeccionó un índice de posición para cada caracter y se analizaron mediante análisis de componentes principales. Los valores medios obtenidos fueron de $277,2 \pm 98,3$ g/m², para 1C, $182,3 \pm 39,9$ g/m² para 2C, $170,6 \pm 48,9$ g/m² para 3C, $6301 \pm 120,0$ g/m² para S3C, $810,2 \pm 413,7$ g/m² para HB y $206,6 \pm 120,4$ g/m² para PG. El análisis de componentes principales presentó una correlación cofenética de 0,802. Todos los caracteres excepto HB se asociaron positivamente con el componente principal 1. Los ensayos permitieron seleccionar 19 líneas superiores: 3 provenientes de cruza propias y las restantes de origen CIMMYT. Las líneas elegidas se incluirán en ensayos comparativos de rendimiento con el fin de validar su comportamiento productivo y estabilidad en diferentes ambientes.

SELECCIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS PARA PASTO Y GRANO DE TRITICALE Y TRICEPIRO

Castillo E, N Adamo, E Grassi, H di Santo, A Ferreira, V Ferreira.
Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.
e-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

Triticales y tricepiros son cultivos sintéticos que diversifican la oferta de forraje fresco o diferido y grano de buena calidad. El objetivo fue evaluar la aptitud forrajera de 50 materiales: 3 reselecciones del tricepiro Don René-INTA y 46 líneas de triticales (11 obtenidas a partir de cruza propias y 36 introducidas del CIMMYT). Se utilizó un Diseño Aumentado (16 líneas y 5 testigos por bloque: 4 triticales forrajeros y el tricepiro Don René), durante 2010, 2011 y 2012. Se determinó: producción de materia seca en 3 cortes, en la suma de los cortes y acumulada hasta hoja bandera, y producción de grano. Se aplicaron análisis de varianza y de componentes principales. Los valores de las líneas se ordenaron de mayor a menor para cada carácter definiendo como base 100 al promedio de cada una. Los valores de los seis caracteres se promediaron para definir las líneas selectas. La acumulación media de forraje seco a hoja bandera fue de $802,7 \pm 51,2$ g/m² (RV: 198,9- 2.224,3 g/m²) y el rendimiento en grano promedio resultó de $204,9 \pm 58,7$ g/m² (RV: 4,8- 483,3 g/m²). Se seleccionaron once líneas como las más promisorias (un tricepiro y diez triticales). Dos triticales de los obtenidos en la UNRC obtuvieron la mayor materia seca acumulada junto con los testigos Yagán y Tizné, mientras que seis líneas de triticales (cinco del CIMMYT y uno de la UNRC) se destacaron como graníferas acompañadas por los testigos Don René-INTA y Eronga-CIMMYT. Las once líneas selectas se incluirán en ensayos comparativos para validar el comportamiento productivo y la estabilidad en diferentes ambientes.

CARACTERIZACIÓN MORFOFISIOLÓGICA DE ESPECIES DEL GÉNERO *Thinopyrum* Y POBLACIONES DE *Festuca arundinacea*

Del Cantare F, H di Santo, A Ferreira, E Castillo, E Grassi, V Ferreira.
Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.
e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

La región centro-sur de Córdoba se caracteriza por escasas precipitaciones y temperaturas rigurosas durante el invierno que dificultan la implantación y vida útil de cultivos forrajeros. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar a 6 especies del género *Thinopyrum* y 3 poblaciones de *Festuca arundinacea*. La evaluación se realizó en la UN Río Cuarto, utilizando 20 individuos por material. Se evaluaron 7 caracteres morfofisiológicos, dos de producción de biomasa y 5 reproductivos. Los datos obtenidos se analizaron mediante ANAVA, prueba de Duncan para diferencia de medias y análisis de conglomerados utilizando el programa estadístico InfoStat. Los valores medios para los caracteres productivos fueron: 10,62 g de biomasa/planta (RV= 1,35-18,37 g) y 0,41 g de semilla/planta (RV= 0-114 g). Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los materiales para la mayoría de los caracteres. Las poblaciones de festuca presentaron similitudes entre ellas, con buen comportamiento frente a caracteres como vigor, biomasa, producción de semilla e índice de cosecha. Por su parte, dentro del género *Thinopyrum* se destacó *T. elongatum* con elevada producción de materia seca por planta y alto vigor, mientras que *T. ponticum* (población "Tur") tuvo nula producción de semilla y escaso vigor y junta a *T. bessarabicum* presentaron escasa producción de materia seca. El análisis de conglomerados (correlación cofenética= 0,928) diferenció claramente las especies y poblaciones. *T. elongatum* y las festucas resultaron las más apropiadas para incluir en un programa de mejora.

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Melilotus albus* DESR EN CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE SEMILLA

Varea I¹, A Affinito¹, L Elustondo¹, BS Rosso², A Andrés^{1,3}. ¹Escuela de Ciencias Agrarias Naturales y Ambientales, UNNOBA, ²EEA-INTA Pergamino.

e-mail: ivanavarea@unnoba.edu.ar

Melilotus albus Desr es una leguminosa forrajera que se adapta a diversas regiones agroecológicas de la Argentina y esta naturalizada desde Santa Cruz hasta Misiones. El objetivo fue estudiar la variabilidad en caracteres de producción de semilla de 14 poblaciones del Banco de Germoplasma del INTA Pergamino, provenientes de Buenos Aires, Entre Ríos, Córdoba, La Pampa, Río Negro y Santiago del Estero. Cada población, de 45 genotipos, fue evaluada en planta aislada utilizando un DBCA con 3 repeticiones. Se registró altura de planta a la cosecha (APC) (cm), peso seco de ramas y tallos (PSRT) (g), peso total de semillas (PTS) (g) y peso de mil semillas (PM) (g). Los datos fueron analizados por SAS. Se estimaron las correlaciones fenotípicas y el grado de determinación genética (GDG). Los resultados indicaron diferencias altamente significativas ($p < 0,001$) entre las poblaciones. Se obtuvieron valores de GDG intermedios (APC= 0,44; PSRT= 0,37; PTS= 0,36; PM= 0,45). Las correlaciones entre caracteres fueron altamente significativas y positivas entre APC y PSRT ($r = 0,64$; $p < 0,001$), entre APC y PTS ($r = 0,48$; $p < 0,001$), entre PSRT y PTS ($r = 0,74$; $p < 0,001$). Los resultados obtenidos indican una amplia variación entre y dentro de poblaciones para los caracteres de producción de semillas, debiéndose realizar evaluaciones más detalladas para su posterior incorporación en programas de selección y mejoramiento de la especie.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA PRODUCCIÓN INVERNAL DE FORRAJE Y CAPACIDAD DE REBROTE EN *Melilotus albus*

Zabala JM, L Musso, JA Giavedoni. Fac. de Cs. Agrarias (UNL). e-mail: jnzabala@fca.unl.edu.ar

Melilotus albus es una especie forrajera anual de ciclo otoño-inverno-primaveral y tolerante a salinidad. El objetivo de este trabajo fue evaluar la heredabilidad de caracteres agronómicos y determinar la asociación entre ellos. Se evaluaron en Esperanza (Santa Fe) 15 plantas de 24 familias de medios hermanos generadas a partir de una población de floración tardía en un DCA. Se evaluó el crecimiento invernal a través de las variables altura de planta (AP), número (NH) y peso de hojas (PVH), tallo (PVTA) y total (PVTO), evaluadas en un corte a fines de agosto. Luego se evaluó el rebrote a través del número (NRB) y longitud de ramificaciones basales (LRB) a los 30 días del corte. Las heredabilidades encontradas fueron en orden de magnitud: AP (0,48), PVTA (0,35), NH (0,31), PVTO (0,28), LRB (0,25), PVH (0,23) y NRB (0,15). Las correlaciones genéticas fueron altas y positivas entre caracteres relacionados con el crecimiento invernal (PVH, PVTA y PVTO) y las variables NH y AP y negativa entre las variables relacionadas al crecimiento invernal y el NRB. Se realizó la evaluación agronómica por dos años en un ambiente salino y no salino de una selección de las 8 familias con mayor producción invernal y la original. Esto confirmó los resultados encontrados en el ensayo inicial y permitió diseñar la consecución del programa de mejoramiento. Los resultados indican la factibilidad de la selección para una mayor producción invernal. A futuro se estudiará el origen de la correlación genética negativa entre producción invernal y capacidad de rebrote.

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Melilotus albus* DESR. EN CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE FORRAJE

Cattoni MP¹, BS Rosso¹, MD Beliera², A Andrés¹. ¹Estación Experimental Agropecuaria, INTA, Pergamino, ²Becaria UNNOBA.
e-mail: mcattoni@pergamino.inta.gov.ar

Melilotus albus Desr es una leguminosa forrajera que se adapta a diversas regiones agroecológicas de la Argentina. El objetivo del estudio consistió en estimar la variabilidad presente en 11 poblaciones provenientes del Banco de Germoplasma del INTA Pergamino. Cada población integrada por 15 genotipos fue dispuesta en condición de planta aislada utilizando un diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones. En cada genotipo se evaluó el peso de la materia seca (PMS), la altura de planta al corte (AP), la relación hoja/tallo (H/T) y la digestibilidad verdadera *in vitro* de la materia seca del tallo (DVIVMST). Los datos fueron analizados mediante el procedimiento GLM de SAS. Se estimaron las correlaciones y el grado de determinación genética (GDG) de las variables evaluadas. Los resultados indicaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre las poblaciones para PMS y AP pero no para H/T y DVIVMST. Los valores de GDG estimados fueron de 0,34 y 0,47 para PMS y AP respectivamente. Las correlaciones entre caracteres fueron significativas ($p < 0,05$) y positiva entre AP y PMS (0,70) y significativa ($p < 0,05$) y negativa entre AP y H/T (0,60). Las poblaciones presentaron una variabilidad intermedia para AP y PMS debiendo realizarse, en un futuro, una evaluación más amplia en cuanto a caracteres agronómicos y variables de calidad de forraje para su posterior incorporación en programas de selección y mejoramiento de la especie.

SISTEMA DE POLINIZACIÓN, FERTILIDAD E HIBRIDACIÓN EN *Acroceras macrum* STAPF

Schedler M¹, SC Ferrari Usandizaga², EA Brugnoli², AL Zilli², AI Weiss¹, CA Acuña², EJ Martínez². ¹Instituto de Botánica del Nordeste, ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.
e-mail: kkinara@hotmail.com

Acroceras macrum es una gramínea africana de importancia forrajera para suelos bajos del NEA. El objetivo del trabajo fue determinar el sistema de polinización, la fertilidad y la obtención de híbridos intraespecíficos de *A. macrum*. Se utilizaron 22 genotipos tetraploides (4x) y 5 hexaploides (6x). El sistema de polinización se determinó mediante la producción de semillas en autopolinización y polinización abierta. La fertilidad se estimó en base a la viabilidad del polen y la producción de semillas. La obtención de híbridos involucró cruzamientos controlados realizados en invernáculo y a campo. La viabilidad del polen mostró un rango de variación de 8,9 a 69,5 %, con una media de 45,1 % para los 4x, y 27,4 % para los 6x. La producción de semillas en autopolinización varió entre 0 y 18 %, con una media de 5,0 % para los 4x y 0 % para los 6x. En polinización abierta, la variación fue de 3,7 a 69 %, con una media de 34,5 % para los 4x y 1,5 % para los 6x. Se realizaron 15 combinaciones en invernáculo y 22 a campo. La producción de semilla bajo invernáculo mostró un rango de variación de 0 a 32 %; mientras que a campo fue de 0 a 39 %. Las combinaciones que involucraron progenitores femeninos 6x no produjeron semilla. Hubo correlación positiva entre viabilidad del polen del progenitor masculino 4x y producción de semillas. Los resultados obtenidos indican que *A. macrum* es una especie alógama, con fertilidad variable en función del nivel de ploidía y el genotipo considerado.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN *Acroceras macrum* STAPP

Ferrari Usandizaga SC¹, M Schedler², EA Brugnoli¹, AL Zilli¹, EJ Martínez¹, CA Acuña¹. ¹IBONE (CONICET-UNNE), ²EEA INTA-Corrientes.
e-mail: efeseis@yahoo.com.ar

Acroceras macrum es una gramínea perenne de origen africano que crece en regiones cálidas y suelos anegados. Su metabolismo fotosintético de tipo C₃ le proporciona características nutricionales superiores a las del pastizal natural, sin embargo su adopción es baja porque no es posible implantarla mediante semilla fértil. El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad genética de una colección de *A. macrum*. Se trata de líneas experimentales introducidas de Sudáfrica, en la década del 80 y 90, por parte del INTA y algunos productores de Corrientes. Se analizaron en total 27 genotipos, de los cuáles 22 resultaron ser tetraploides ($2n=4x=36$) y 5 hexaploides ($2n=6x=54$). Se usó como control un genotipo de *P. simplex*. Se utilizaron marcadores basados en microsátelites (ISSR) para obtener los perfiles genéticos. El agrupamiento se realizó por el método de encadenamiento promedio y la distancia genética a partir del índice de disimilitud de Jaccard. Se evaluaron 10 primeros ISSR y se detectaron 210 loci en los genotipos 4x y 119 loci en los 6x. La distancia genética entre todos los genotipos de *A. macrum* mostró un rango de variación entre 0,5 y 0,9. Los genotipos 4x se agruparon separados de los 6x. La distancia genética entre los genotipos 4x mostró un rango de variación entre 0,5 y 0,9; mientras que entre los genotipos 6x fue entre 0,5 y 0,8. Los resultados demostraron una amplia diversidad genética en ambos niveles de ploidía. Esta colección servirá de base para iniciar un programa de mejoramiento genético para la especie.

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y FENOLÓGICA EN *Acroceras macrum* STAPP

Weiss AI^{1,2}, SC Ferrari Usandizaga², EA Brugnoli¹, M Shedler^{1,2}, EJ Martínez¹, CA Acuña¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias UNNE, ²EEA-INTA Corrientes.
e-mail: alejandraweiss1@hotmail.com

La diversidad genética contenida en el germoplasma de *Acroceras macrum* introducido en Argentina se desconoce. El objetivo del trabajo fue estimar la variabilidad de caracteres morfológicos y fenológicos en una colección de *A. macrum*. Se utilizaron 26 genotipos previamente caracterizados cromosómicamente y molecularmente. Se evaluaron 15 variables correspondientes a planta entera, tallos, hojas, inflorescencias y extensión del periodo vegetativo. Las variables más informativas han sido la altura de planta, crecimiento inicial, longitud de entrenudos y duración del periodo vegetativo. La altura mostró un rango de variación entre 18,5–64,5 cm; mientras que el ancho de la base de cada planta varió entre 0,74–119 m. Ambas variables definieron el hábito de crecimiento, distinguiendo portes erectos, semierectos y rastreros. La longitud de los entrenudos varió entre 3,8–7,4 cm, con una media de 5,7 cm, y el más alto coeficiente de variación entre las variables en estudio (35,6 %). El periodo vegetativo tuvo un rango de 33–90 días mientras que la máxima floración se dio entre 45–93 días, esto evidencia una diferencia significativa ($p<0,0001$), donde aquellos que presentaron menores periodos vegetativos fueron los primeros en manifestar su máxima floración. Las distancias Euclidianas mostraron un rango de variación entre 1,6–8,2. El análisis de varianza multivariado demostró que todos los genotipos presentan diferencias significativas para las variables en estudio ($F=6,02$; $p<0,0001$). La variabilidad encontrada es adecuada para iniciar un programa de mejoramiento genético en la especie.

RETRASO DE LA SENESCENCIA FOLIAR EN ALFALFA TRANSGÉNICA FRENTE A SEQUÍA

Löwenstein E, VM Beltrán, MC Gómez, EM Pagano. Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA, INTA.
e-mail: epagano@cnia.inta.gov.ar

En el Instituto de Genética del INTA se obtuvieron eventos de alfalfa que contienen el transgen SARK-ipt, cuyo promotor es inducible y frente a la senescencia natural o ante condiciones de estrés permite la expresión de la secuencia codificante isopentenil transferasa (ipt), enzima clave en la síntesis de citoquininas. Plantas transgénicas que mostraron un retraso significativo en la senescencia foliar en ensayos *in vitro*, fueron evaluadas frente a condiciones de estrés hídrico en un ensayo de aproximadamente 8 meses con 3 periodos de sequía. El riego luego de la última etapa, se aplicó en forma restringida durante 60 días. Durante los periodos de sequía se realizaron semanalmente observaciones de los cambios de color, turgencia y desecamiento de las plantas mediante escalas numéricas, evaluándose al final de cada uno materia seca y rebrote. Luego del tercer periodo de sequía se estudió el estado fenotípico de las plantas y del sistema radicular. Los resultados obtenidos permiten indicar que la introducción de la construcción genética SARK-ipt no produjo cambios significativos en los caracteres morfométricos evaluados, sin embargo los eventos transgénicos mostraron una amplia variabilidad en la senescencia foliar y desarrollo radicular luego de ser sometidos a periodos sucesivos de estrés hídrico. Al menos 4 eventos transgénicos mostraron un alto retraso de la senescencia en condiciones de severa sequía en comparación a los controles no transgénicos, indicando un comportamiento de tolerancia frente a condiciones de estrés hídrico.

ANÁLISIS MULTIVARIADO PARA LA EVALUACIÓN DE RAIGRÁS ANUAL DIPLOIDE EN CONDICIONES SALINO-SÓDICAS

Palacios N¹, J Lavandera², N Fioravanti², M Acuña^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la pcia. de Buenos Aires, ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.
e-mail: macunia@pergamino.inta.gov.ar

La salinidad del suelo es un problema creciente en todo el mundo. La actividad ganadera ha sido relegada hacia suelos con numerosas restricciones tales como la salino-sódica. El raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.) diploide es una de las forrajeras templadas más utilizadas en Argentina, posee alto valor nutritivo y se emplea en diversos sistemas ganaderos. Existen numerosos estudios que demuestran la posibilidad de realizar mejoramiento genético de la especie para este tipo de ambientes. El objetivo del trabajo fue evaluar 4 poblaciones (pob) pertenecientes al Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino y 2 materiales semi-híbridos. El ensayo se realizó en el campo experimental de la EEA INTA Pergamino (33° 56' O y 60° 43' S), en un DBCA con tres repeticiones, las variables medidas fueron: vigor de planta en tres momentos (V1: 11/09, V2: 05/11, V3: 19/11), peso seco de planta (PSP) al momento de la cosecha (planta entera sin espiga y raíz), peso de semillas (PSEM) y peso de mil semillas (PMIL). Los análisis realizados fueron componentes principales y análisis de agrupamiento a través del método Ward, ambos mediante el paquete estadístico SAS 9.1v. Los resultados obtenidos fueron consistentes para ambos análisis, las variables PSEM y PMIL explicaron el 90 % de la variabilidad, destacándose la pob RS09, que presentó el mayor PSEM y PSP, seguida por pob RS10. Estas poblaciones se consideran materiales promisorios de ser incluidos en el programa de mejoramiento genético de la especie.

COMPONENTES DEL RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE TRITICALE GRANÍFERO

Artero F¹, H di Santo¹, A Ferreira¹, E Castillo¹, E Grassi¹, V Ferreira¹, H Paccapelo². ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto, ²Facultad de Agronomía, UN La Pampa.
e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El objetivo de este trabajo fue la evaluación de 55 líneas homocigotas seleccionadas por su adaptación a la región subhúmeda pampeana, ciclo de vida, tolerante a estrés invernal y rendimiento en grano. Las líneas provenían de 210 introducciones originales del ITYN-CIMMYT. La siembra se efectuó el 21/6/12 en diseño en bloques completos al azar con 3 repeticiones y 3 testigos. Se analizó el rendimiento y sus componentes: N° de espigas/m², N° de granos/espiga y peso de 1000 granos. El rendimiento fue $201,8 \pm 79,4$ g/m² y los promedios de los componentes fueron: $198,4 \pm 61,0$ espigas/m², $291 \pm 8,7$ granos/espiga y $36,0 \pm 6,2$ g/1000 granos. Los genotipos difirieron significativamente en los componentes del rendimiento. El análisis de sendero reveló correlación alta y significativa del rendimiento con N° de granos/espiga ($r = 0,45$) y N° de espigas/m² ($r = 0,63$). A los efectos de identificar diferentes estrategias en la conformación del rendimiento, se formaron 3 subgrupos en base a las 18 mejores líneas para cada caracter: (a) de alto N° de espigas/m², (b) de alto N° de granos/espiga y (c) de alto peso de grano. La correlación entre rendimiento y N° de espigas/m² aumentó en todos los subgrupos, mientras que la correlación entre rendimiento y N° de granos/espiga aumentó en los subgrupos (a) y (c) pero disminuyó en el subgrupo (b). Los caracteres contribuyeron en forma diferente al rendimiento, incluso con variación entre genotipos, lo cual sugiere un control genético independiente. Esto alienta la búsqueda de líneas con diferentes estrategias para conformar el rendimiento.

IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES EN LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALE (X *Triticosecale* WITTMACK)

Felgueras S¹, F Pantuso², D Bianchi^{1,2}, E Sarlinga². ¹Universidad del Salvador, Escuela de Agronomía, ²Universidad de Luján, Dpto. Tecnología.
e-mail: pantuso@unlu.edu.ar

El triticale (*X Triticosecale Wittmark*) es un alopoliploide que procede del cruzamiento de trigo y centeno, es utilizado como verdeo invernal, destacándose además por su producción de grano, desarrollándose principalmente en las regiones semiáridas en sistemas de producción mixtos. El objetivo del presente trabajo fue identificar genotipos superiores en líneas avanzadas de triticale, comparándolas con materiales comerciales, en cuanto a la producción de grano. El ensayo fue conducido en el campo experimental de la Universidad Nacional de Lujan durante el año 2011, se evaluaron 15 materiales, de los cuales 5 fueron triticales comerciales, 5 trigos comerciales y 5 líneas avanzadas de triticale (Tr) provenientes del CIMMYT. La siembra se realizó el 13 de junio de 2011. El diseño experimental utilizado fue en bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones, en parcelas de 3 surcos a 0,20 m por 5 m de largo. Se fertilizó con fosfato diamónico en macollaje equivalente a 150 Kg/ha. Para el control de malezas se utilizó 2,4D (48,5 g/100 cm³) en dosis de 1 lt/ha PF en post emergencia entre 5 hojas y previo al inicio de encañado. La cosecha se realizó el 13 de diciembre de 2011 en forma manual, para su posterior trilla. Los datos se analizaron mediante ANOVA y test DMS al 5 % de probabilidad. Los resultados obtenidos muestran que la línea avanzada Tr30 tuvo el mejor rendimiento en grano, superando de manera estadísticamente significativa a varios de los materiales comerciales utilizados como testigos.

EL ORIGEN DE LOS CITOTIPOS POLIPLÓIDES DEL COMPLEJO *Paspalum stellatum* (POACEAE)

Bonasora MC¹, E Monteverde³, AI Honfi², PR Speranza³ y GH Rua¹.
¹Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ²Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. ³Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República de Uruguay.
 e-mail: bonasora@agro.uba.ar

El género *Paspalum* comprende ca. 350 especies mayormente americanas. Con pocas excepciones, presentan un número básico $x = 10$. *Paspalum stellatum* Humb. & Bonpl. ex Flügge se distribuye desde México y el Caribe hasta el nordeste de Argentina. Comprende citotipos diploides con $2n = 20$ cromosomas y una inusual serie de citotipos poliploides con $2n = 32, 44$ y 52 . *Paspalum stellatum* es afín a *P. eucomum* Nees ex Trin. y *P. malmeanum* Ekman, la primera del centro y sur de Brasil, con $2n = 30$; la segunda del centro-oeste de Brasil y este de Bolivia. Las poblaciones de *Paspalum malmeanum* del Oriente Boliviano presentan $2n = 20$, mientras que las del cerrado brasileño tienen $2n = 12$. Hemos propuesto hipotéticamente que los distintos citotipos poliploides de *Paspalum stellatum* serían resultantes de la hibridación interespecífica entre esta especie y *P. malmeanum*. A los fines de establecer si hubo un único origen de cada uno de los citotipos poliploides que conforman el complejo se realizó un análisis con marcadores moleculares ISSRs. Se analizaron materiales de distintas procedencias de 7 citotipos, se extrajo ADN y se amplificaron secuencias con 3 marcadores ISSRs. Se realizó un análisis de coordenadas principales (PcoA) utilizando la distancia genética de Jaccard. Los resultados mostraron que existe una alta variabilidad dentro de cada citotipo, y una mayor afinidad entre materiales provenientes de la misma región geográfica, independientemente de su nivel de ploidía. Este resultado es consistente con la hipótesis de orígenes múltiples de los citotipos alopoliploides.

PROGENIE DE UN CRUZAMIENTO SEXUAL X APOMÍCTICO ENTRE DOS ESPECIES DEL GRUPO PLICATULA DE *Paspalum*

Novo PE, F Espinoza, CL Quarin. Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina.
 e-mail: pnovo@agr.unne.edu.ar

El grupo Plicatula abarca cerca de 30 especies morfológicamente afines a *P. plicatulum*. La mayoría son tetraploides ($4x$) y apomícticas aunque algunas contienen también citotipos diploides sexuales. No existen plantas $4x$ sexuales en poblaciones silvestres de estas especies. En el IBONE existe un genotipo autotetraploide sexual ($4xS$) de *P. plicatulum* generado experimentalmente. Los objetivos fueron: 1) conocer la meiosis y el sistema reproductivo de *P. oteroi*, especie $4x$, estolonífera y adaptada al anegamiento en la región del Pantanal, Brasil. 2) Determinar su relación genómica con *P. plicatulum* y la factibilidad de transferir genes entre ambas especies. Usamos la planta $4xS$ como madre y la cruzamos con *P. oteroi*. Se analizó la meiosis, el sistema reproductivo y la fertilidad de los híbridos. El apareamiento cromosómico en la meiosis de *P. oteroi* indica que es autotetraploide, mientras que el de los híbridos sugiere que existe cierto grado de homología entre los genomas de los padres. La relación de contenido de ADN entre los núcleos del embrión y los del endospermo revelan que *P. oteroi* es apomíctico y que este carácter segregó en la descendencia ya que 8 de los híbridos analizados resultaron sexuales y 3 apomícticos. La fertilidad (% de espiguillas con cariopse) es muy variable aunque en algunos híbridos supera el 50 %. La fertilidad manifestada por algunos híbridos y la segregación del carácter reproductivo (apomixis) sugieren que es posible transferir genes y utilizar el carácter apomixis en el mejoramiento genético de estas interesantes forrajeras silvestres.

OBTENCIÓN DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL¹, EF Rios⁴, CA Acuña^{1,3}, CL Quarín^{1,2}, EJ Martínez^{1,2}. ¹IBONE-CONICET, ²Cátedra de Genética y Fitotecnia; FCA-UNNE, ³Cátedra de Forrajicultura; FCA-UNNE, ⁴University of Florida.
e-mail: alexzilli@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea perenne nativa del continente americano, utilizada como forrajera y césped. Posee citotipos diploides de reproducción sexual y poliploides apomícticos. El mejoramiento de la especie requiere contar con individuos sexuales y apomícticos con igual nivel de ploidía. En la naturaleza existe una amplia diversidad de 4x apomícticos; sin embargo, no se han encontrado 4x sexuales. Existen unos pocos 4x sexuales, obtenidos experimentalmente, los cuales poseen una estrecha variabilidad genética. El objetivo de este trabajo fue generar una población 4x sexual sintética de *P. notatum*, con la finalidad de ampliar la base genética del germoplasma 4x sexual. Se realizaron 10 combinaciones (familias) entre tres genotipos 4x sexuales y diez ecotipos 4x apomícticos. Se obtuvieron en total 473 híbridos, los cuales fueron clasificados por su modo de reproducción, mediante el uso de un marcador molecular específico de la apomixis y observación de sacos embrionarios maduros. La población sintética se formó por el intercrucamiento de los híbridos F₁ sexuales de las 10 familias. Se seleccionaron 3 híbridos sexuales por familia, teniendo en cuenta la variación fenotípica, los cuales fueron intercrucados en forma controlada. La producción de semillas (cariopsis) de cada híbrido sexual intercrucado fue muy variable, oscilando entre 5 % y 81 %, con una media de 50,3 % (CV 0,37). Las semillas logradas serán utilizadas para obtener una población tetraploide sexual sintética, la cual será evaluada con marcadores moleculares para determinar su variabilidad genética.

IDENTIFICACIÓN TEMPRANA DE HÍBRIDOS TETRAPLOIDES APOMÍCTICOS DE *Paspalum simplex* MORONG

Brugnoli EA, EJ Martínez, CA Acuña. Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.
e-mail: abrugnoli@agr.unne.edu.ar

La apomixis es un modo de clonación natural a través de semillas. La obtención de híbridos heteróticos apomícticos es de gran interés. En *Paspalum simplex*, se obtuvieron experimentalmente plantas tetraploides sexuales que posibilitaron la hibridación con ecotipos tetraploides apomícticos. Hasta el momento, la identificación de híbridos apomícticos se realizaba por estudios citoembriológicos y citometría de flujo en plantas adultas. El objetivo de este trabajo fue obtener una metodología de detección temprana (plántula) de híbridos tetraploides apomícticos de *P. simplex*. Se realizaron cruzamientos controlados entre genotipos 4x sexuales y ecotipos 4x apomícticos. Se lograron 8 familias diferentes y 30 híbridos por familia, en estado de plántula, fueron clasificados reproductivamente, por medio de un marcador molecular específico de la apomixis en *P. simplex* (SCAR). Para corroborar la técnica evaluada, una muestra de semillas fue analizada por citometría de flujo. La frecuencia de híbridos apomícticos detectada con el SCAR varió en las distintas familias entre 0,1 y 0,6. La clasificación por citometría de flujo coincidió en un 97 %, detectando niveles de expresión variable de la apomixis entre los híbridos (2,5 a 100 %). Es posible que esta pequeña diferencia entre las técnicas se deba a la baja expresión de la apomixis en algunos híbridos. El SCAR específico de la apomixis resultó ser eficaz para la identificación temprana de híbridos apomícticos de *P. simplex*. Sin embargo, para conocer el nivel de expresión de la apomixis es necesario recurrir a otras técnicas.

POBLACIONES NATIVAS DE MAÍZ COMO FUENTE DE VARIABILIDAD GENÉTICA

Llanes MS¹, RA Defacio^{1,2}, R Perovich¹, ME Ferrer^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As., ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Pergamino. Ruta 32 Km 4,5, Pergamino, Bs As. e-mail: sole_llanes_55@hotmail.com

Las fluctuaciones climáticas y las variaciones en las demandas de los mercados plantean la necesidad de generar nuevas variedades de los cultivos que permitan que los mismos se adapten a estas condiciones. En Argentina el Banco Activo de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino (BAP) conserva poblaciones nativas de maíz ofreciendo la oportunidad de disponer de las mismas para incluir en Programas de Mejoramiento Genético. En este trabajo se evalúa el comportamiento a campo de 52 poblaciones nativas de maíz de endosperma dentado y semidentado de las provincias de Corrientes y Entre Ríos conservadas en el BAP, para evaluar la variabilidad genética de las mismas. Se incluyeron como testigos 4 variedades sintéticas mejoradas. La evaluación se llevó a cabo en dos localidades, Pergamino y Ferré, con dos repeticiones en cada una. La unidad experimental consistió en 2 surcos de 5 metros cada uno separados entre sí por 0,7 metros; a una densidad de 5 plantas por metros, usando un diseño en bloque completamente aleatorizado. Se evaluaron 23 variables cuantitativas de interés agronómico. Con estos datos se realizó un Análisis de Componentes Principales. Las variables asociadas al desarrollo vegetativo se correlacionan con el Componente 1 mientras que las asociadas al desarrollo reproductivo lo hicieron con el Componente 2. Se evidenció un comportamiento diferencial de todas las poblaciones entre ambientes. Además, los testigos se distinguen por presentar mayor rendimiento y sus componentes mientras que las poblaciones nativas se caracterizan por presentar mayor desarrollo vegetativo.

EVALUACIÓN DE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS DE POBLACIONES LOCALES DE MAÍZ REVENTADOR

Perovich RA¹, RA Defacio^{1,2}, MS Llanes¹, ME Ferrer^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As., ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Pergamino. Ruta 32 Km 4, 5, Pergamino, Bs As. e-mail: mferrer@pergamino.inta.gov.ar

El maíz pisingallo (*Zea mays* L) es de importancia mundial por su uso en el consumo humano. Por este motivo toma importancia su estudio para incorporarlo a los programas de mejoramiento genético. Se evaluaron 40 poblaciones locales de maíces reventadores conservados en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino. Los mismos corresponden a las razas Pisingallo y Perlita, originarios de las provincias de Córdoba, Buenos Aires, Misiones y Corrientes. Además se utilizaron tres testigos (Híbrido INTA, Porá INTA y Picasú INTA). El ensayo se realizó en la EEA Pergamino, mediante un Diseño en Bloque Completamente Aleatorizado con dos repeticiones. La unidad experimental consistió en dos surcos de 5 m cada uno, a una distancia de 0,7 m entre ellos. Se evaluaron 12 características morfológicas y agronómicas; mediante un análisis multivariado de Componentes Principales. Las poblaciones se agruparon por sus similitudes morfo-agronómicas y origen geográfico. Las entradas provenientes del centro del país exhibieron un comportamiento intermedio para las características evaluadas, presentando menor desarrollo vegetativo que las restantes. En las poblaciones originarias de Corrientes el porcentaje de vuelco fue elevado, razón por la cual no serían seleccionadas. A pesar que el periodo de siembra a floración y la altura de planta fueron elevados, los materiales de Misiones serían incorporados al programa de mejoramiento genético por haber presentado bajo porcentaje de vuelco. Cabe destacar que la selección definitiva se completará cuando se realicen las evaluaciones de calidad de grano.

IDENTIFICACIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ ESTABLES Y DE ALTO RENDIMIENTO EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES

Suárez MA¹, JC Suárez², JL Bodega¹, JE Lúquez¹. ¹Facultad Cs. Agrarias, UNMdP, ²Facultad Agronomía, UNNOBA.
e-mail: maeduarda@telplin.com.ar

En el proceso de evaluación de cultivares, la presencia y la magnitud de la interacción genotipo x ambiente (IGA) reducen la correlación entre el genotipo y el fenotipo. El objetivo de este trabajo fue identificar híbridos de maíz estables y de buen rendimiento en ensayos multiambientales utilizando 2 métodos: el de Shukla y el de Rendimientos Relativos (RR). Se usaron 2 series de datos: 1) 9x25678: 9 híbridos evaluados en 25 ambientes en las temporadas agrícolas 2005/06, 2006/07 y 2007/08, y 2) 13x1789: 13 híbridos y 17 ambientes en 2007/08 y 2008/09. Los híbridos AX744MG, AX882CLMG, AX842TDMAX, DK670MG y AW190MG de la primera serie resultaron estables y de alto rendimiento por su poca contribución a la IGA según Shukla. Superaron la media de rendimiento a través de los ambientes y exhibieron los menores desvíos (s) según RR. En tanto, 9 de los 25 ambientes de evaluación, en los que el año 2006 siempre estuvo incluido, contribuyeron poco a la IGA. En la segunda serie, los híbridos 472MG, 8316MG y 417MGRR resultaron estables y de alto rendimiento, mientras 5 fueron inestables y de alto rendimiento. El método RR arrojó los mismos resultados. En tanto, sólo 2 ambientes contribuyeron poco a la IGA, mientras que todos los del año 2009, de gran déficit hídrico, fueron inestables y de bajos rendimientos. Los métodos utilizados coincidieron en identificar híbridos estables y de buen rendimiento en ensayos multiambientales, pero fue determinante en ello la variación impredecible causada por las condiciones climáticas del año de evaluación.

APTITUD COMBINATORIA PARA EL RENDIMIENTO Y LA CALIDAD FORRAJERA DE LÍNEAS DE MAÍZ EN BASE A BLUP

Velazco JG¹, JM Roig², L Ferrand³, P Rimieri¹. ¹EEA Pergamino, INTA, ²Dow AgroSciences, ³Maestría en Genética Vegetal, UNR-INTA.
e-mail: jvelazco@pergamino.inta.gov.ar

El rendimiento de forraje y su valor nutricional son importantes características a mejorar en el maíz para silaje de planta entera. Los cruzamientos dialélicos brindan información sobre parámetros genéticos esenciales para definir estrategias en los programas de mejoramiento. Nuestro objetivo fue evaluar los patrones de aptitud combinatoria y predecir los efectos genotípicos de líneas de maíz y sus híbridos para características sileras. Se evaluaron los cruzamientos dialélicos (Modelo II y Método 4 de Griffing) entre 10 líneas agrupadas en graníferas, doble propósito y sileras en dos localidades. Los caracteres considerados fueron: rendimiento de planta entera (RPE), contenido de almidón (%A) y digestibilidad de la fracción vegetativa (DFV). Se usó un modelo mixto basado en REML para estimar los componentes de varianzas y obtener los BLUP de los efectos de ACG y ACE. Este modelo permitió manejar la presencia de cruzamientos faltantes y de heterogeneidad de los errores entre ambientes. Los efectos genéticos no aditivos fueron más importantes para %A y RPE, siendo este carácter el menos heredable. Contrariamente, la DFV estuvo principalmente determinada por los efectos aditivos y presentó la mayor heredabilidad en sentido estricto. La predicción de los valores reproductivos por BLUP permitió detectar líneas promisorias para aumentar la DFV y, en menor medida, el %A en la población de mejoramiento. El desempeño de las líneas parentales en cruza se podrá combinar con la información de su desempeño *per se* mediante un índice de selección para aumentar la ganancia genética.

EVALUACIÓN DE GENOTIPOS DE MAÍZ EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES MEDIANTE UNA CONFIGURACIÓN CONSENSO

Fissore M, NC Bonamico, MA Ibañez, MA Di Renzo. UNRC. Córdoba
e-mail: nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

La podredumbre del tallo y raíz (PTR) es por su difusión, incidencia y severidad una de las enfermedades más importantes del maíz en Argentina. El análisis de procrustes generalizado (APG) permite encontrar una estructura consenso en ensayos multiambientales en los que se utilizan diferentes materiales genéticos en distintos ambientes para evaluar la PTR. El objetivo del presente trabajo fue evaluar genotipos híbridos de maíz en distintos ambientes según su comportamiento frente a la PTR y su rendimiento. Para ello se sembraron 12 híbridos comerciales de maíz de diferentes semilleros en tres ensayos, realizados en la provincia de Córdoba y en la provincia de San Luis, en un diseño en bloques completos al azar, con tres repeticiones. El comportamiento de los híbridos se estudió mediante seis caracteres relacionados a la PTR y al rendimiento. Los caracteres fueron analizados mediante un análisis de componentes principales (ACP) por ambiente y posteriormente los componentes que más explicaron la variación, se utilizaron en un análisis de APG. El APG mostró un moderado consenso entre el ordenamiento de los híbridos en cada uno de los ambientes, por lo tanto podemos decir que el comportamiento frente a la PTR de los genotipos en los tres ambientes es similar, pero no totalmente coincidente. Esto indicaría la existencia de una importante interacción genotipo-ambiente, lo cual se corresponde con las discrepancias observadas entre los ambientes en los ordenamientos obtenidos mediante los ACP individuales.

APTITUD FORRAJERA DE HÍBRIDOS DE MAÍZ

Rossi EA, NC Bonamico, ME Ortiz, R Falco, MA Di Renzo. UNRC, Córdoba
e-mail: mdirengo@ayv.unrc.edu.ar

El silaje tiene actualmente un papel clave como recurso forrajero en los sistemas de producción de leche. Dado que el maíz es uno de los cultivos más conveniente para la confección de reservas forrajeras, resulta necesario disponer de información local acerca del comportamiento y productividad de los híbridos utilizados en cada región. El objetivo del presente trabajo fue comparar la aptitud forrajera de distintos genotipos híbridos de maíz evaluados en la zona de Río Cuarto. Para ello, durante la campaña agrícola 2012/2013 se sembró en un diseño en bloques completos al azar, un conjunto de veintiocho híbridos pertenecientes a diferentes criaderos comerciales. Los caracteres medidos a campo fueron los días a floración, el intervalo entre la floración masculina y femenina, la altura de inserción de espiga (m), la altura de planta (m), el número de hojas y el peso de la materia verde (Kg/ha) al momento de confeccionar la reserva forrajera. Los caracteres medidos en laboratorio fueron la materia seca (Kg/ha), el contenido de proteína (%), el contenido de fibra detergente ácida (%) y la energía metabólica (Mcal/kg). Los datos obtenidos se analizaron mediante un análisis de la varianza multivariado (MANOVA) y de un análisis de la varianza univariado (ANOVA). Ambas metodologías utilizadas permitieron encontrar diferencias estadísticamente significativas entre híbridos. En general, los resultados obtenidos, indican que los distintos genotipos de maíz evaluados presentan diferente aptitud forrajera.

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES INCOMPLETOS

Ibañez MA¹, MA Di Renzo¹, MG Balzarini². ¹Mejoramiento Genético, Fac. de Agronomía y Vet., Universidad Nacional de Río Cuarto,

²CONICET, Estadística y Biometría, Fac. Cs. Agrop., Universidad Nacional de Córdoba.

e-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La selección de cultivares requiere la evaluación de diferentes genotipos en ensayos multiambientales (EMA). Las bases de datos de los EMA suelen ser grandes e incompletas. El descarte de cultivares puede producir sesgos en las estimaciones de componentes de varianza y los parámetros asociados. En este trabajo se estima y compara la magnitud relativa de las componentes de varianza de los efectos de genotipo (G), ambiente (E) e interacción genotipo×ambiente (GE) de híbridos de maíz, desde bases provenientes de la unión de varios EMA con distintos niveles de incompletitud. Se utilizaron datos de rendimiento de grano de los EMA de dos subredes de la Red Nacional de Cultivares de Maíz del INTA y de tres campañas agrícolas. Sobre cada base se ajustó un modelo lineal mixto con efectos de G, E e interacción GE aleatorios. Con este modelo se estimó la contribución porcentual de la varianza de G, de E y de la interacción GE, respecto de la variación total. Estos componentes y su relación se estimaron en un nivel de datos faltantes reales (45 %) y en otras bases de datos derivadas de estas (25 y 0 %) utilizando un patrón de eliminación de datos no completamente aleatorio, simulando lo que sucede en la selección de cultivares en ensayos comparativos multiambientales. Las componentes de varianza fueron estimadas por el método de máxima verosimilitud restringida. Los resultados sugieren que la práctica de eliminar datos para trabajar con bases de datos completas, conduce a subestimaciones de las varianzas genotípicas y sobreestima la contribución relativa de la componente de interacción.

CARACTERIZACIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE MAÍZ CON RETRASO EN LA SENESCENCIA

Décima Oneto C¹, A Beznec^{1,2}, I Baroli¹, P Faccio¹, E Bossio¹, E Blumwald³, D Lewi¹. ¹IGEAF, INTA Castelar, ²CONICET, ³University of California (Davis), USA.

e-mail: dlewi@cni.inta.gov.ar

El interés por producir un retardo en la senescencia celular se centra en aumentar la tolerancia al estrés abiótico, en especies vegetales de importancia agronómica. En trabajos previos se ha demostrado que la senescencia puede ser retrasada en plantas transgénicas que expresen la enzima isopenteniltransferasa (ipt) de *Agrobacterium tumefaciens*. Este trabajo tiene como objetivo estudiar la expresión del gen IPT bajo la regulación del promotor SARK (receptor proteína-kinasa asociado a senescencia) en plantas transgénicas de maíz y su relación con el incremento de la tolerancia a estrés hídrico. Durante la evaluación en sequía, el rendimiento de las plantas transgénicas disminuyó un 36,70 % (controles 97 %), la concentración de clorofila total un 23 % (controles 47,5 %) y la asimilación de CO₂ un 25,13 % (controles 80,14 %). Asimismo, la conductancia estomática disminuyó un 55 % durante la primer semana de sequía y un 78 % durante la segunda semana de sequía (controles 84,88 % y 92,41 % respectivamente). Durante el tiempo de recuperación bajo riego normal, las plantas transgénicas tuvieron una restauración en los parámetros de fotosíntesis del 95 % con respecto a los controles. Estos resultados sugieren que la expresión del transgén IPT bajo el promotor SARK actúa positivamente en el retraso de la senescencia bajo las condiciones de estrés hídrico aplicadas.

PULVERIZACIÓN CON LIBERTY® AUMENTA DRÁSTICAMENTE LA EFICIENCIA DE SELECCIÓN DE CÉLULAS TRANSGÉNICAS

Allocati JP^{1,2}, V Pulido¹, F Milla¹, O Terenti^{1,2}, H Pedranzani². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, ²Universidad Nacional de San Luis.

e-mail: jallocati@hotmail.com

En el presente trabajo se desarrolló un esquema novedoso y reproducible de transformación genética de callos de maíz HiII (*Zea mays* L.) utilizando biobalística. Para el bombardeo se utilizó el cañón Biolistic PDS-1000/He™. El material se bombardeó con el plásmido pACH25, que contiene el gen de la beta-glucuronidasa (*uidA*) y el gen marcador seleccionable *bar* (fosfotricina acetiltransferasa), que brinda resistencia a PPT (Glufosinato de Amonio - Liberty®). Ambos genes se encuentran bajo el control del promotor Ubi y terminador NOS. El esquema de selección consistió en incrementar gradualmente la concentración a 3, 6 y 9 mg/L de PPT en el medio subcultivando cada 10 días y luego 3 mg/L PPT por 20 días. El principal hallazgo de este trabajo residió en disminuir drásticamente la frecuencia de aparición de escapes (plántulas no transgénicas que sobreviven al esquema de selección) utilizando el herbicida comercial Liberty® e incluyendo dentro del esquema, la aplicación de un spray de solución acuosa estéril (4,5 mg/L) de herbicida sobre la superficie de los callos a los 20-25 días post-bombardeo. De esta forma se aseguró una distribución uniforme del herbicida por todo el callo; disminuyendo la ocurrencia de escapes a una frecuencia menor al 1%. El método aquí presentado provee de una alternativa económica, simple y eficiente de disminuir los escapes, ahorrándole al investigador recursos y tiempo. Además posee el potencial de poder ser utilizado para otros sistemas de transformación y extrapolarse a la transformación genética de distintas especies vegetales.

EVALUACIÓN DE LA ESTABILIDAD DEL RENDIMIENTO DE GRANO DE CULTIVARES DE COLZA

Lùquez JE¹, M Pereyra Iraola¹, L Iriarte², J Castillo³, M Mondino⁴.

¹Facultad de Cs. Agrarias UNMdP, ²Facultad de Cs. Agrarias UNMdP,

³Chacra Experimental Barrow, ⁴EEA INTA La Consulta, ⁵EEA INTA

Santiago del Estero.

e-mail: jluquez@balcarce.inta.gov.ar

En Argentina se siembran 90000 has de colza. Por cosecharse antes que el trigo, es posible sembrar soja de segunda antes. Es considerada una oleaginosa alternativa. Se cultivan cultivares primaverales e invernales. El objetivo de este trabajo es determinar la estabilidad del rendimiento de grano de 5 cultivares de soja primaverales difundidos en el país a través de parámetros que estiman la variación no predecible que producen las condiciones climáticas del año de ensayo dentro de la variación total. Se utilizaron los datos de rendimiento de grano pertenecientes a la Red Nacional de Cultivares de Colza de los cultivares Filial, Filial Precoz, Jura, Gladiator y Legacy en las localidades Paraná, Barrow, La Consulta y Santiago del Estero durante los años 2006, 2007 y 2008, que constituyeron una matriz de datos 5x4x3. La estabilidad se definió en función de la magnitud de los cuadrados medios de año dentro de localidades del análisis de varianza para cada cultivar (A) L, la variación no predecible. La respuesta de los cultivares a la variación predecible se estimó con un análisis de regresión, donde la pendiente de cada cultivar fue el indicador para recomendarlos a cada localidad y la variable independiente fue un índice ambiental. El cultivar Jura presentó el mayor promedio de rendimiento a través de los ambientes, 2392 kg/ha, el menor valor de (A) L, 384.688, lo que lo hace el más estable y adecuado a enfrentar la variación no predecible, y un valor de $b = 1,0584$, que significa adaptabilidad general. Para confirmar los resultados, es necesario utilizar matrices de datos mayores.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD DE PATRONES FENOLÓGICOS DE GENOTIPOS DE SOJA CON LONGITUDES DE CICLO SIMILARES

Bernardi CN, CE Ghione, M Murgio, NM Magnago, L Sequin, JR Gilli. INTA Marcos Juárez.

e-mail: cbernardi@mjuarez.inta.gov.ar

En soja la duración del período reproductivo es crítica porque determina el rendimiento. Los cultivares de ciclo largo, a diferencia de los de ciclo corto, tienen una mayor duración del ciclo, lo que no necesariamente determina un alto rendimiento. El objetivo de este trabajo fue determinar si genotipos con la misma longitud de ciclo difieren en la duración de estados fenológicos. Se utilizaron 56 genotipos de soja (cultivares comerciales e introducciones) pertenecientes a diferentes grupos de madurez. Las plantas fueron sembradas el 3 de noviembre de 2011. Se determinaron los estadios fenológicos: R1, R3, R5, R6 y R8, según la escala de Fehr y Caviness, para identificar la duración de los periodos: emergencia (E)-R1, R1-R5, R3-R6 y longitud de ciclo. Utilizando un análisis de conglomerados, los genotipos se agruparon según duración de ciclo en 6 grupos. Luego se realizó un análisis de varianza para cada variable por grupo. Tres agrupamientos mostraron diferencias significativas ($p < 0,005$) sólo en R1-R5. Un grupo no mostró diferencias significativas ($p > 0,005$) en la duración de este periodo; sin embargo, los genotipos difirieron en la longitud de E-R1, R3-R6 ($p < 0,005$). Por último, dos grupos presentaron diferencias significativas ($p < 0,005$) en la duración de E-R1, R1-R5 y R3-R6, dentro de estos grupos se detectaron genotipos con un periodo E-R1 corto y R3-R6 largo, e individuos con comportamiento opuesto. Se concluyó que entre genotipos de similar longitud de ciclo existe variabilidad en la ocurrencia de estadios fenológicos.

MAPEO POR ASOCIACIÓN DEL LOCUS *Rpp1* DE SOJA

Ghione CE, NM Magnago, CN Bernardi, JR Gilli. EEA INTA Marcos Juárez.

e-mail: cghione@mjuarez.inta.gov.ar

La roya es considerada una de las enfermedades de soja más destructivas y *Rpp1* es uno de los loci de resistencia en soja a dicha enfermedad. La soja es una especie donde potencialmente se podría aplicar el análisis por asociación para el descubrimiento de QTL y para mapeo fino como una alternativa al análisis de ligamiento tradicional. El mapeo por asociación utiliza la variación en una población para descubrir asociaciones significativas entre el carácter y el marcador molecular y ofrece tres ventajas: incremento de la resolución de mapeo, reducción del tiempo de investigación y aumento en el número de alelos. Analizamos un set de genotipos con SSR para determinar la estructura de la población y SNP para analizar por regiones candidatas el locus *Rpp1*. La matriz de estructura de la población se obtuvo mediante el software STRUCTURE y se seleccionó el mejor agrupamiento basándose en el estadístico ad hoc ΔK . El mapeo por asociación mediante genes candidatos se realizó utilizando el software TASSEL ($p < 0,05$). Mediante el análisis del ΔK se observaron picos para $k = 2$, $k = 3$ y $k = 7$ y las matrices Q a esos niveles fueron utilizadas para realizar el análisis de asociación. El mapeo por asociación identificó un SNP asociado con *Rpp1* ($p = 0,04$ $k = 2$, $p = 0,015$ $k = 3$ y $p = 0,014$ $k = 7$). Este marcador es el mismo que anteriormente se encontró asociado al mismo locus en una población biparental. La relevancia de nuestro trabajo reside en el hecho de que la población es adecuada para el mapeo por asociación y que ambas poblaciones se validan mutuamente.

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LOS IONES CLORUROS EN CULTIVARES DE SOJA

Irigoyen MF, MA Briguglio, GA Eyherabide, JE Lúquez. Facultad de Cs. Agrarias, UNMdP.
e-mail: florencia_iri_77@hotmail.com

En Argentina, donde el 25 % de las tierras agrícolas incluyen suelos afectados por la salinidad, 19 millones de has se cultivan con soja. El desarrollo de cultivares tolerantes podría expandir el área de siembra. La soja es sensible a los iones cloruros. Con el objeto de seleccionar cultivares tolerantes se realizaron 3 experimentos. Del primero, donde se evaluaron 34 cultivares con 50 mM de NaCl, en 5 repeticiones, se seleccionaron 13 “tolerantes” para longitud de hipocótilo y radícula (entre ellos, NA3731, NA3520 y A3302) y se incluyeron en un segundo experimento de germinación junto a otros, con una concentración de 100mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques con 3 repeticiones y se determinó además, el peso fresco. El análisis de varianza mostró a los cultivares del primer experimento NA3731 y A3302 como tolerantes a la salinidad según largo de radícula, al igual que a DM4250 del segundo experimento. Algunos cultivares comunes a ambos experimentos se incluyeron en un tercero, donde 5 semillas de 7 cultivares se sembraron en recipientes plásticos con arena y nutrientes en invernáculo, con 2 repeticiones. Se dispusieron en un diseño en parcelas divididas y se expusieron a 0 y 50 mM NaCl en el estadio V2 y V3. Se determinaron el contenido de cloruros y el grado de acorchamiento de la hoja. Los cultivares DM4250 y NA3520 fueron los más tolerantes. El próximo paso será determinar la existencia de un alelo dominante (Ncl) o QTLs responsables de la exclusión de cloruros en germoplasma de soja de diferentes orígenes, para utilizarlos como padres en programas de mejoramiento.

IDENTIFICACIÓN DE QTLs ASOCIADOS A NODULACIÓN EN SOJA (*Glycine max* L. MERR)

Salvucci RD¹, MB Aulicino², E Altieri³, C Sala³, PA Balatti^{1,4}. ¹Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, ²Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, ³Departamento de Biotecnología, Nidera Semillas SA, ⁴Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.
e-mail: pbalatti@gmail.com

La simbiosis entre soja y rizobios resulta en la fijación nitrógeno, que es una de las herramientas que contribuyen a mantener el nivel de N del suelo, conduciendo a la sustentabilidad de los sistemas de producción. El objetivo de este trabajo fue localizar QTLs asociados a capacidad de nodulación en soja, tales como número (NN) y peso seco (PSN) de nódulos y peso seco aéreo (PSA). A partir del cruzamiento de los cultivares NA5485RG x A7053RG (alta x baja nodulación) se obtuvo una población de mapeo $F_{2,3}$. La evaluación genotípica se hizo sobre la F_2 y la fenotípica sobre familias F_3 , utilizando un DCA con repeticiones. 36 de 234 marcadores de SSR fueron polimórficos. Se construyó un mapa de ligamiento usando un $LOD_{máx} = 3$. Se encontraron 5 grupos de ligamiento, 3 construidos con 2 marcas y 2 con 3 marcas. El mapeo por marca simple (MS) confirmó la existencia de 4 QTLs de NN asociados a los marcadores Satt353, Satt414, Satt271, Sat_294. 3 QTLs de PSN asociados a Satt560, Satt414 y Satt434. 5 QTLs de PSA asociados a Satt152, Satt271, BE021153, Satt009 y Sat462. El mapeo por intervalo confirmó algunos de los QTLs encontrados por MS. Nuestros resultados fueron consistentes con lo citado por otros autores. Si bien se demostraron efectos de dominancia significativos, también se detectaron efectos aditivos importantes. Estos resultados son promisorios, ya que la identificación de estos QTLs permitiría agilizar la obtención de cultivares con alta capacidad de nodulación y fijación de nitrógeno asegurando un rápido avance en el proceso de selección

DIVERSIDAD GENÉTICA DEL AGENTE CAUSAL DE LA ROYA ASIÁTICA DE LA SOJA EN PAÍSES DEL MERCOSUR

Rocha CML¹, G Vellicce¹, MG García¹, EM Pardo¹, A De Lucía², J Gilli³, C Ghione³, N Bogado⁴, V Bonnacerrere⁵, F Marcelino⁶, LD Ploper¹, AP Castagnaro¹. ¹Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANO: Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-Estación Experimental Agroindustrial "Obispo Colombes"), William Cross 3150 (T4101AXC), Las Talitas, Tucumán, Argentina, ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Cerro Azul, ³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Marcos Juárez, ⁴Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Capitán Miranda, Paraguay, ⁵Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, Uruguay, ⁶Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria, Londrina, Brasil.
e-mail: carlirochaz6@hotmail.com

La roya asiática de la soja causada por *Phakopsora pachyrhizi* es una de las enfermedades más destructivas del cultivo. El objetivo del presente trabajo fue utilizar AFLP para evaluar directamente la diversidad genética y la estructura poblacional del patógeno en una amplia región geográfica que involucra a Brasil, Paraguay, Argentina y Uruguay. A partir de 23 muestras recolectadas en campos en producción se amplificaron 3.014 alelos con 33 pares de cebadores AFLP. De los 1.550 loci, 1.545 fueron polimórficos (99,68 %). La variación fue mayor dentro de un país (87,64 %) que entre países (12,36 %), del mismo modo que hubo mayor variabilidad en un mismo año (82,25 %) que entre dos años consecutivos (17,75 %). Los valores de F_{ST} 0,12 y 0,18 obtenidos para la variación entre países y entre años, respectivamente, indicarían un moderado grado de divergencia, pero claramente la diversidad patogénica es mayor entre años que entre regiones geográficas. Esto se pone de manifiesto también si se analiza el dendograma basado en el coeficiente de similitud genética de Jaccard, que muestra dos grupos separados por año de recolección (2008-09) con sub grupos según el país. Estos resultados indicarían que si bien habría una cierta estructuración genética del patógeno por región geográfica, todos los años estarían ingresando nuevos genotipos patogénicos que contribuyen a aumentar la gran diversidad genética encontrada afectando la estructuración de la población, la cual estaría modulada en cada región por el manejo agronómico, determinado fundamentalmente por los cultivares de soja utilizados.

ESTABILIDAD COMPOSICIONAL DEL ACEITE A CAMBIOS EN TEMPERATURA EN MUTANTES ALTO OLEICO DE GIRASOL

Alberio C¹, NG Izquierdo¹, T Galella², R Reid², A Zambelli², S Zuil³, L Aguirrezábal¹. ¹Laboratorio de Fisiología Vegetal, FCA, UNMdP-CONICET, ²Centro de Investigación en Biotecnología. Advanta Semillas SAIC-Nutrisun Business Unit, ³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA Reconquista.
e-mail: constanza.alberio@gmail.com

En girasol la temperatura afecta principalmente la relación oleico/linoleico del aceite. Esto se produce tanto en líneas tradicionales como en mutantes alto oleico, los cuales portan la mutación Pervenets. Por ello, es importante encontrar nuevas mutaciones capaces de mantener estable esta relación frente a cambios en la temperatura. El objetivo fue comparar la estabilidad de una nueva mutación alto oleico (AO-NM) con la mutación Pervenets y un genotipo tradicional. Para obtener un amplio rango de temperaturas mínimas nocturnas (TMN) se realizaron ensayos en cámaras de crecimiento (13-21° C) y a campo en diferentes localidades y fechas de siembra (12-18° C). Las plantas se cosecharon en madurez y se determinó la composición ácida. Se relacionó el porcentaje de oleico con la TMN en el periodo 100-300° C ddf ($T_b = 6° C$). El porcentaje de oleico varió entre 15,7 y 50,5 %, entre 87,8 y 92,6 % y entre 91,6 y 92,4 % para los genotipos tradicional, Pervenets y AO-NM, respectivamente. El mismo se mantuvo estable en el genotipo AO-NM en el rango de temperaturas estudiado ($\Delta T = 8° C$). En los genotipos Pervenets y tradicional, el porcentaje de oleico se relacionó con la TMN ($p < 0,01$, $R^2 = 0,74$, pendiente = $0,41 \% ^\circ C^{-1}$; $p < 0,05$, $R^2 = 0,69$, pendiente = $4,3 \% ^\circ C^{-1}$, respectivamente). Las concentraciones de ácido oleico de AO-MN y Pervenets fueron semejantes. La nueva mutación caracterizada permitiría desarrollar híbridos con alta concentración de oleico y estables a la temperatura, que podrían sembrarse en distintas zonas y fechas de siembra sin variar la calidad de aceite.

DESCOMPOSICIÓN DE LA RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE BLANCA DEL CAPÍTULO EN HÍBRIDOS DE GIRASOL

Delgado S^{1,3}, G Cendoya^{1,3}, F Castaño^{1,3}, F Quiróz^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias-UNMdP, ²Estación Experimental Agropecuaria-INTA, ³Unidad Integrada Balcarce.

e-mail: feastanio@balcarce.inta.gov.ar

En girasol, los híbridos con resistencias parciales (RP) acumuladas a la Podredumbre Blanca del Capítulo (PBC) tienen mayor protección ante la enfermedad respecto de aquéllos que no las posean. El objetivo es detectar más de una RP estudiada en una serie de cultivares. En Balcarce y durante cuatro años, se evaluaron 37 cultivares propuestos por 18 criaderos para la región girasolera sur de la Argentina. Luego de inocular con ascosporas de *Sclerotinia sclerotiorum*, se valoraron los componentes de la RP: Incidencia, Periodo de Incubación Relativo y Severidad Máxima de la PBC así como el Crecimiento Diario de la Lesión Relativo. Se realizó un Análisis de Componentes Principales con la respuesta promedio de los cultivares, a través de los años, a partir de la matriz de datos estandarizados, utilizando el software R. Los ejes principales (PC) 1, 2 y 3, contribuyeron a la variancia fenotípica total en 57,2 %, 31,8 % y 6,6 %, respectivamente. El PC1 se interpretó como la resistencia de los cultivares a la penetración del hongo en el capítulo. Mientras que PC3 y PC2, explican la resistencia de los tejidos parenquimáticos al crecimiento micelial en las etapas iniciales y finales de exteriorización de la PBC, respectivamente. En el plano 1-2, 34 cultivares fueron informativos, aunque sólo 9 mostraron dos RP beneficiosas; en el plano 1-3 hubo 24 y 8 cultivares y en el 2-3 hubo 14 y 4 cultivares, respectivamente. La metodología empleada permitió describir y descomponer la variabilidad de la resistencia a la PBC en el girasol evaluado y detectar híbridos con RP simultáneas y favorables.

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL PARA ESTUDIOS DE MAPEO POR ASOCIACIÓN EN GIRASOL

Filippi CV^{1,2}, JG Rivas¹, RA Heinz^{1,2}, HE Hopp¹, MV Moreno³, D Cordes³, D Álvarez³, NB Paniego^{1,2}, VV Lia^{1,2}. ¹Instituto de Biotecnología, Centro Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), INTA, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-CONICET, ³Estación Experimental Agropecuaria Manfredi, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. e-mail: cfilippi@enia.inta.gov.ar

El mapeo por asociación es una estrategia alternativa al mapeo biparental de QTL, ya que hace uso de los eventos de recombinación históricos y de la diversidad nucleotídica presentes en líneas y poblaciones naturales para encontrar variantes alélicas causales de caracteres complejos. El presente trabajo tiene por objeto (a) examinar la estructura poblacional y la diversidad genética presentes en la Población de Mapeo por Asociación (PMA) del programa de mejoramiento de girasol de INTA mediante el uso de marcadores SSR; y (b) comparar dichos resultados con los obtenidos usando marcadores funcionales de tipo SNP. Con este fin, 141 líneas endocriadas de girasol pertenecientes al Banco Activo de Germoplasma de INTA Manfredi fueron genotipificadas con 42 SSR y un panel de 384 SNPs. La caracterización de la PMA evidenció una gran diversidad molecular entre las líneas seleccionadas. La heterocigosis esperada y la diversidad génica fueron mayores para los loci SSR que para los SNPs. Las estimas de distancia génica calculadas usando los dos sistemas mostraron correlación significativa. La caracterización de la estructura poblacional y diversidad genética presentes en la PMA constituye una herramienta fundamental para el futuro desarrollo de estudios de asociación para caracteres complejos en girasol.

CANTIDAD DE ADN EN ESPECIES NATIVAS DEL GÉNERO *Passiflora* ESTIMADA POR CITOMETRÍA DE FLUJO

Bugallo V¹, MA Coviella², MJ Pannunzio², S Cardone¹, G Facciuto².
¹Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, ²Instituto de Floricultura, INTA.
e-mail: bugallo@agro.uba.ar

El tamaño genómico es un caracter biológico que afecta diversas características que influyen en el comportamiento ecológico y fisiológico de las plantas como también la capacidad de hibridación interespecífica. El objetivo de este trabajo fue determinar el contenido de ADN nuclear en especies nativas del género *Passiflora*, en el marco de un programa de mejoramiento para obtener variedades ornamentales tolerantes a bajas temperaturas. Se analizaron 29 genotipos pertenecientes a 12 especies nativas de 3 subgéneros. Se utilizó un citómetro de flujo CyFlow (Partec) con yoduro de propidio como fluorocromo y *Hordeum vulgare* cv. 'New Golden' (10,4 pg.) como estándar interno. Los datos se analizaron por medio de un ANOVA. Entre los citotipos diploides, *Passiflora urnaeifolia* exhibió la menor cantidad de ADN (1,08 pg.), mientras que *P. alata*, la mayor (5,03 pg.). El valor C calculado separó especies de los subgéneros *Decaloba* y *Dysosmia* respecto de las del subgénero *Passiflora*. Esto indicaría el aumento del valor C en una de las ramas de la filogenia de este género, constituyendo un dato útil en la selección de genotipos para hibridación.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN CLONES DE BANANA (*Musa acuminata*) DE DIFERENTE COMPOSICIÓN GENÓMICA

Ermini JL^{1,4}, G Tenaglia^{2,4}, GR Pratta^{3,4}. ¹Licenciado en Genética, ²Director Científico CEDEVA, Misión Tacaaglé, Provincia de Formosa, Argentina, ³Investigador CONICET, ⁴Catedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias UNR, CC14, S2125ZAA Zavalla, Provincia de Santa Fé, Argentina.
e-mail: ermini@hotmail.com

La banana es un cultivo de gran importancia económica en la provincia de Formosa. El objetivo fue estimar la diversidad genética en 52 clones recolectados en campos de agricultores formoseños, incluyendo materiales autotriploides y alotriploides y tomando como testigos cuatro variedades autotriploides usadas en la mayoría de los países productores. Se realizó una caracterización fenotípica evaluando variables productivas de interés agronómico y una caracterización molecular por la técnica de AFLP con 3 combinaciones de cebadores previamente seleccionadas por mostrar un mayor polimorfismo entre los testigos. Se calculó el porcentaje de polimorfismo (PP) en el nivel molecular y se aplicaron tres análisis jerárquicos de agrupamiento (AJ) para los clones y los testigos: uno según los caracteres fenotípicos con las distancias euclídeas, otro según los perfiles de AFLP con las distancias de Jaccard (en estos casos se usó el método de "Average Linkage") y el último según ambos conjuntos de datos con la distancia de Gower y el método de Ward. El PP promedio fue del 77 %. El AJ resultó en agrupamientos diferentes para datos fenotípicos, moleculares y ambos conjuntos, conservándose en todos los casos una asociación entre los testigos por un lado y los clones alotriploides por el otro, que en general difirieron en todos los agrupamientos de aquéllos autotriploides. La consistencia en estas asociaciones demuestra una correspondencia entre datos fenotípicos y moleculares y brinda información útil para la conservación de recursos fitogenéticos y su uso en el mejoramiento del cultivo.

CARACTERIZACIÓN DE SELECCIONES CLONALES DE KIWI DEL SUDESTE BONAERENSE

Briguglio M, V Ispizúa, C Godoy, O Marcellán. Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata - EEA Balcarce, INTA).
e-mail: mabriguglio@hotmail.com

La industria y comercialización del kiwi a nivel mundial esta basada en el cv. Hayward de la especie *Actinidia deliciosa*, debido a las características de su fruto como tamaño, firmeza, sabor y sobre todo su excepcional capacidad de conservación. Se han realizado selecciones clonales de este cultivar, destacándose el clon 8 proveniente de Italia, que se caracteriza por una baja proporción de frutos defectuosos. En el sudeste bonaerense, zona agroecológica óptima para este cultivo, se encuentran algunos clones putativos (C, CC, H y 8 proveniente de Chile) cuya superioridad respecto del clon 8 de Italia no ha sido demostrada. El objetivo de este trabajo fue determinar si dichos clones putativos son genéticamente diferentes del clon 8 italiano. Para ello se extrajeron muestras de ADN de los 5 clones de Hayward y se amplificaron con nueve oligonucleótidos RAPDs previamente evaluados y seleccionados por su alto nivel de polimorfismo (Briguglio *et al.*, 2012). Los patrones de bandas, visualizados en geles de agarosa teñidos con Sybr Safe, se analizaron con el programa estadístico InfoStat, obteniéndose el gráfico de Coordenadas Principales (ACoorP). Los clones 8 de Chile y C presentaron mayor similitud y se separaron de los tres clones restantes ubicados en diferentes cuadrantes en el ACoorP. Los resultados obtenidos permiten concluir que las selecciones clonales son genéticamente diferentes del clon 8 de Italia y entre sí.

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN KIWI

Rébola F, O Marcellán, C Godoy, J Lúquez. Unidad Integrada Balcarce.
e-mail: florenciarebola@hotmail.com

En el sudeste bonaerense el agua es de origen subterráneo y presenta elevados contenidos de bicarbonato de sodio. El kiwi (*Actinidia deliciosa*) es una planta sensible a la salinidad. Tratándose de una especie perenne con alta demanda hídrica, el riesgo de sodificación del suelo es elevado. Se propone generar portainjertos clonales tolerantes a la salinidad. El objetivo del presente trabajo fue evaluar y seleccionar genotipos con dicha característica. Se evaluaron dos poblaciones resultantes del cruzamiento entre el cv. Hayward por Chieftain (HxC) y Hayward por SummerFaenza (HxS) y dos tratamientos (0 y 30 mM ClNa), en un diseño en combinación factorial con tres repeticiones en el tiempo. Las semillas se desinfectaron y trataron con ácido giberélico para promover la germinación y se colocaron en rollos de papel embebidos en solución a 22° C. Se determinaron el porcentaje de germinación y la velocidad de germinación usando el índice de Maguire (1962). A las tres semanas de iniciada la germinación se midieron la longitud de radícula e hipocótilo. El tratamiento con ClNa afectó significativamente el porcentaje de germinación, la longitud de radícula e hipocótilo ($p < 0,01$) aunque no tuvo efectos sobre la velocidad de germinación ($p > 0,05$). La población HxS sometida a estrés salino experimentó un mayor efecto detrimental que HxC en la longitud de radícula (56 % *vs.* 47 %) e hipocótilo (65 % *vs.* 33 %).

VIABILIDAD DEL POLEN DE KIWI (*Actinidia deliciosa*) Y SU CONSERVACIÓN A BAJAS TEMPERATURAS

De Brito A, C Godoy, O Marcellán. Unidad Integrada Facultad de Ciencias Agrarias (UNMdP)- EEA Balcarce (INTA).
e-mail: omarcellan@balcarce.inta.gov.ar

El kiwi es una especie nativa del sudeste asiático, que se cultiva en muchas partes del mundo, incluyendo nuestro país. Es dioica, las plantas femeninas poseen ovarios con alrededor de 1400 óvulos. El peso del fruto está estrechamente relacionado con el número de semillas, por lo que la producción polínica debe ser abundante y de alta viabilidad para lograr frutos de valor comercial. El objetivo de este trabajo fue estimar la viabilidad del polen fresco de tres polinizadores (M52, M56 y Chieftain) difundidos en el SE bonaerense y determinar el periodo de tiempo durante el cual el polen conserva su viabilidad. Se evaluaron tres estimadores de la viabilidad: tinción (T), usando una modificación del colorante de Alexander; germinación *in vitro* (GIV), probando diferentes medios y condiciones de incubación, y producción de semilla (PS) a través de polinización dirigida. Se evaluaron periodos de almacenamiento de 1 y 4 semanas a 4° C, y de 1 y 12 meses a -20° C. Las estimaciones de la viabilidad del polen fresco fueron superiores al 90 % tanto por T como por GIV usando el sistema de gota colgante con medio de Mortenson. La PS también fue alta obteniéndose frutos de 125 g en promedio con más de 1000 semillas. La viabilidad del polen se mantuvo en el tiempo. Así, a los fines de la polinización artificial, se podrá utilizar polen conservado a 4° C durante pocos días, si ocurre un desfase en la floración de las plantas femeninas y masculinas, o 6 meses a -20° C, si se exporta en contra-estación, o 12 meses si se necesita en la floración del año siguiente.

RECOMBINACIÓN GENÉTICA EN GENERACIONES SEGREGANTES DE UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila VG¹, P Cacchiarelli², GR Pratta³. ¹Becaria CONICET, Cátedra de Genética FCA, UNR, ²Tesista Lic. Genética, Cátedra de Genética FCA UNR, ³Investigador Adjunto CONICET, Cátedra de Genética FCA UNR.
e-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

Los marcadores moleculares AFLP permiten la caracterización de genotipos. Se analizaron 117 genotipos pertenecientes a las generaciones segregantes F2 y retrocruzas de un híbrido de segundo ciclo de tomate. Se utilizaron 3 combinaciones de cebadores previamente seleccionadas por generar elevados número de bandas y porcentaje de polimorfismo entre los materiales uniformes de primer y segundo ciclo. Se realizó un análisis de conglomerado con la distancia de Jaccard y el método de encadenamiento promedio. De 77 bandas, el 100 % fueron polimórficas. El coeficiente de correlación cofenética fue de 0,82. A una distancia de 0,41 se separaron en un primer grupo los genotipos uniformes de primer y segundo ciclo (*Solanum lycopersicum* cv. Caimanta, *Solanum pimpinellifolium* LA722 y su F1; ToUNR1, ToUNR18 y su F1, respectivamente) y la mayoría de los genotipos de las generaciones segregantes, y en otro grupo el resto de los individuos F2 y retrocruzas. Al analizar el primer grupo, se observaron los parentales de primer y segundo ciclo en extremos opuestos y ambas F1 entre ellos. A 0,40 agruparon por un lado los parentales de primer ciclo junto a las F1 y por otro lado los genotipos uniformes de segundo ciclo, indicando mayor similitud de las F1 entre sí y con los materiales de primer ciclo. A 0,30 se detectó un grupo que contiene a la F1 de primer ciclo con genotipos segregantes, y en otro grupo a la F1 de segundo ciclo con otros genotipos segregantes y los parentales de primer ciclo. Se concluye que ocurrió una amplia recombinación genética en las generaciones segregantes analizadas.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE TIPOS DE CITOPLASMA DE CEBOLLA PARA LA PRODUCCIÓN DE HÍBRIDOS

Colombo N¹, CR Galmarini². ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CNIA, INTA Castelar, ²EEA LA Consulta INTA-CONICET.
e-mail: ncolombo@cnia.inta.gov.ar

La producción de semilla híbrida de cebolla es económicamente viable a partir de la incorporación de sistemas de androesterilidad génico-citoplásmica. En el programa de mejoramiento de cebolla del INTA se emplea actualmente el citoplasma androestéril S en el cual la fertilidad masculina es restaurada por la acción de un gen dominante *Ms/ms*. La disponibilidad de marcadores moleculares basados en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) permite obtener una identificación rápida y confiable de los citoplasmas de plantas individuales para optimizar la obtención de líneas mantenedoras. El objetivo de este trabajo es identificar los tipos de citoplasma de cultivares del programa de mejoramiento de cebolla del INTA mediante un marcador molecular de PCR previamente optimizado. Se recolectaron muestras de hojas de plantas individuales de los cultivares Angaco INTA, Valcatorce INTA Navideña INTA, Alfredo INTA, Cobriza INTA, Refinta20 y Antártica INTA y de la línea androestéril control (Val6-LCA) y su línea mantenedora (Val6-LCM). Se amplificó por PCR la región intergénica de los genes *trnT-trnL* del ADN cloroplástico. Se obtuvieron los tamaños esperados para los amplicones correspondientes a los citoplasmas normal y androestéril. Se verificaron a campo los resultados de laboratorio. Se estimó la frecuencia de citoplasma S en cada uno de los cultivares evaluados. Se concluye que el marcador molecular empleado permite aumentar la eficiencia en la obtención de líneas mantenedoras en la producción de híbridos de cebolla.

EFFECTOS RECÍPROCOS PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATE

Cambiaso V^{1,3}, DR Cingolani^{1,2}, JH Pereira da Costa^{1,3}, GR Rodríguez^{1,3}, GR Pratta^{1,3}, LA Picardi^{1,4}, R Zorzoli^{1,4}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, ²Beca CIN, ³CONICET, ⁴CIUNR.
e-mail: rzorzoli@unr.edu.ar

El fruto es un ovario desarrollado por lo que aquellos caracteres que definen la calidad del fruto en el tomate podrían estar afectados según la dirección en que se realicen los cruzamientos. Con el fin de analizar los efectos recíprocos en híbridos entre el cv. Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* y la accesión LA722 (P) de la especie silvestre *S. pimpinellifolium* se obtuvieron las F1 recíprocas (CxP y PxC, siendo la letra inicial el genotipo materno). Los progenitores se utilizaron como testigos. Los caracteres evaluados en 650 frutos fueron: altura, diámetro, forma (altura/diámetro), peso, firmeza, vida en estantería, N° de lóculos, contenido de sólidos solubles, acidez titulable y los índices L (luminosidad) y a/b de color. Se verificó la normalidad de los datos con la prueba de Shapiro-Wilk. Los valores medios de los caracteres en las F1 recíprocas se compararon por la t de Student cuando hubo normalidad mientras que en los otros casos se utilizó la prueba de Kruskal Wallis (H). Se encontraron diferencias altamente significativas ($p < 0,0001$) para diámetro ($t = -4,65$), altura ($t = -5,75$), vida en estantería ($t = -6,83$), índice L ($t = 5,75$), acidez titulable ($t = 4,56$) y peso ($H = 21,41$). No hubo diferencias significativas para los otros caracteres ($p \geq 0,05$). En todos los caracteres se observó un efecto de dominancia hacia el progenitor silvestre. Se concluye que existen efectos recíprocos para caracteres de tamaño (altura, diámetro y peso), la forma, la luminosidad y la vida en estantería de los de frutos.

VARIACIÓN INTER E INTRA FAMILIAR PARA CALIDAD DE FRUTO EN RETROCRUZAS TEMPRANAS DE TOMATE

Luciani MD^{1,2}, JH Pereira da Costa^{1,2}, GR Rodríguez^{1,2}, LA Picardi^{1,3}, R Zorzoli^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, ²CONICET, ³CIUNR.
e-mail: grodrig@unr.edu.ar

El objetivo del trabajo fue estimar la variabilidad genética para caracteres de calidad de fruto entre y dentro de familias derivadas de un cruzamiento interespecífico de tomate. Se estudiaron nueve familias BC₂S₁ generadas por autofecundación de plantas de la segunda retrocruza (BC₂) del cruzamiento entre el cv. Caimanta de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium*. Cada familia se originó a partir de plantas BC₂ en las que el genoma de Caimanta varió entre 74 y 93 %. Se evaluaron entre 20 y 30 plantas por familia para color (porcentaje de reflectancia (L) y el cociente a/b), firmeza (Fi) y vida poscosecha (Vp) de los frutos. Para comparar los valores medios y la variación de los caracteres entre y dentro de familias se utilizó un ANOVA anidado. Se encontraron diferencias altamente significativas entre familias (F>9,28) y dentro de cada una de las familias (F>5,65) para todos los caracteres. En cada una de las familias se estimaron los porcentajes de variación genética para cada uno de los caracteres por ANOVA. Dentro de cada familia, para el parámetro L de color la proporción de variación fenotípica atribuible a variación genética varió entre 0,24 para la familia de menor valor y 0,95 para la de mayor valor mientras que para el índice a/b fue entre 0,27 y 0,97. Para Fi estuvo comprendida entre 0,23 y 0,62 y para Vp entre 0,17 y 0,47. Estos resultados sugieren la existencia de una significativa variabilidad genética entre familias BC₂S₁ y también dentro de ellas para poder seleccionar por estos caracteres de calidad de fruto.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE GENOTIPOS DE PAPA POR SU COMPORTAMIENTO FRENTE A ESTRÉS HÍDRICO

Tagliotti ME¹, MC Bedogni¹, J Ortego², S Capezio¹, MA Huarte¹. ¹EEA-INTA Balcarce, ²EEA-INTA Mendoza.
e-mail: tagliottimartin@hotmail.com

En Argentina se cultivan alrededor de 80.000 has de papa. Las variedades utilizadas son sensibles al estrés hídrico por lo que se utiliza riego suplementario para obtener un rendimiento rentable. El objetivo de este trabajo fue caracterizar germoplasma de papa por su tolerancia a sequía a campo. Se realizaron dos ensayos, uno en Balcarce (ambiente subhúmedo) y otro en Lujan de Cuyo (ambiente semiárido) utilizando 204 genotipos de papa. En ambos ensayos se empleó un diseño aumentado con ocho repeticiones para los controles. A la cosecha, se evaluó el número de tallos, tamaño, número, peso y aspecto de tubérculos, materia seca (MS) y aptitud para freír. En Luján de Cuyo el 25 % de los genotipos no tuberizaron, aunque no se vio afectada la emergencia de los mismos. Los tubérculos fueron de menor tamaño, con mayor porcentaje de deformidades y rindieron un 70 % menos (kg/tallos) con respecto a Balcarce. Los valores de MS en ambas localidades mostraron una distribución normal, con valores promedios entre 19 a 22 %. La MS fue mayor en condiciones de sequía y la aptitud para freír no fue afectada. Se evidenció variabilidad genética en el germoplasma utilizado en respuesta a la sequía, detectándose genotipos candidatos para ser incorporados en un plan de mejoramiento genético.

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE PAPA EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN CON *Phytophthora infestans*

Deperi SI^{1,2}, MC Bedogni¹, S Capezio¹, ME Tagliotti^{1,3}, MA Huarte¹. ¹Unidad Integrada Balcarce (EEA INTA Balcarce y FCA-UNMdP), Ruta 226 km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina, ²CONICET, Argentina, ³Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica. e-mail: sofideperi@hotmail.com

El tizón tardío es una enfermedad causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. Se encuentra en la mayoría de las zonas de producción de papa del mundo. La búsqueda de variabilidad genética para el comportamiento frente al tizón tardío permitirá generar una población de estudio para análisis de mapeo por asociación. El objetivo de este trabajo fue caracterizar germoplasma de papa de origen muy diverso por su comportamiento frente a *P. infestans*. Se realizaron dos ensayos a campo en dos localidades, con 201 genotipos en Balcarce (Bs. As.), con inoculación artificial y 99 genotipos en Tafi del Valle (Tucumán), con infección natural. En ambos se empleó un diseño aumentado con ocho repeticiones en Balcarce y cinco repeticiones en Tafi del Valle para ocho testigos. Se registró semanalmente % de infección sobre el follaje. Se calculó para cada genotipo, área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC) y AUDPC relativa. De acuerdo a esta última, se clasificaron como Resistentes (R) (0-25 % de enfermedad), Moderadamente resistentes (MR) (25-50 %), Moderadamente susceptibles (MS) (50-75 %) y Susceptibles (S) (75- 100%). Para los genotipos que compartían ambas localidades, en Balcarce 26,37 % resultó R, 39,3 % MR, 29,35 % MR y 4, 97% S. En Tafi del Valle se observó un 27,3 % de genotipos R, el mismo valor para MR, un 20,2 % para MS y un 26,26 % para S. De acuerdo a estos resultados en Balcarce el 65- 67 % y en Tafi del Valle el 54,6 % de los individuos se clasificaron en las categorías R y MR. Se evidenció variabilidad genética en la respuesta a la infección en ambas localidades.

VARIABILIDAD EN LA SECUENCIA DEL GEN P5CS EN POROTOS ANDINOS Y MESOAMERICANOS

Salim E¹, A Fekete², M Galván^{2,3}. ¹Facultad de Cs. Exactas, Químicas y Naturales, UNaM, ²INTA EEA Salta, ³CONICET. e-mail: genamiel@hotmail.com

La expresión del gen *P5CS* en poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) es inducida significativamente por la salinidad y la sequía. El gen *P5CS* codifica para la enzima Δ^1 -pirrolina-5-carboxilato sintetasa (*P5CS*) que está involucrada en la síntesis de prolina a partir de glutamato. En el presente trabajo se analizó la variabilidad existente en parte de la secuencia del gen *P5CS* en 15 variedades y líneas de poroto común evaluadas por su tolerancia a estrés hídrico. La extracción de ADN se realizó a partir de plántulas empleando un protocolo de CTAB modificado. Con el ADN extraído se realizó la amplificación parcial del gen *P5CS* mediante PCR utilizando los primers P1 y P2. Los fragmentos amplificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa 1,5 % teñidos con GelRedTM. Se realizó la purificación de los productos de PCR para su posterior secuenciación. Los fragmentos secuenciados se analizaron utilizando el programa BioEdit y se compararon con secuencias disponibles en la base de datos del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). A partir del análisis de las secuencias se agrupó a los aislamientos en andinos y mesoamericanos identificando las variaciones (SNPs, Indels) presentes en las mismas. El conocimiento de la variabilidad presente en esta secuencia es de gran utilidad en la evaluación de los pools génicos del germoplasma de poroto y como base para futuros estudios de expresión génica.

RETENCIÓN DE GENOMAS DE ESPECIES SILVESTRES DEL GÉNERO *Arachis* EN UN HÍBRIDO Y SU ANFIPLOIDE DERIVADO

Torres L¹, Costero B¹, Teich I², Tabora RJ¹, Soave SJ³, Faustinelli PC^{3,5}, Buteler MI³, Cisneros M¹, Franceschini L¹, Gonzales V⁴, Menduni F¹. ¹Fac. de Ciencias Agropecuarias, UNC, ²CONICET- Estadística y Biometría, Fac. de Ciencias Agropecuarias, UNC, ³Criadero El Carmen, General Cabrera, Córdoba, ⁴Fac. de Agronomía y Veterinaria- UNRC, ⁵Universidad Católica de Córdoba.
e-mail: ltorres@agro.unc.edu.ar

La provincia de Córdoba concentra el 90 % de la producción argentina de maní (*Arachis hypogaea* L.). Muchos cultivares son susceptibles a enfermedades e insectos que afectan el rendimiento del cultivo. Las especies silvestres del género poseen genes de resistencia, cuya transferencia al maní cultivado con fines de mejoramiento, se dificulta debido a los diferentes niveles de ploidía e incompatibilidad genómica. Los marcadores de tipo SSR y EST-SSR permiten identificar los genomas propuestos para las especies del género. El objetivo del trabajo fue analizar mediante marcadores SSR y EST-SSR, el genoma de seis especies silvestres de maní y su retención en el híbrido [(*A. correntina* x *A. cardenasii*) x *A. batizocoi*]^{4x} y el anfiploide derivado. Se analizaron ocho loci SSR y EST-SSR y los productos de PCR se visualizaron en geles de acrilamida/bisacrilamida 15 % mediante tinción con bromuro de etidio. Se calcularon las frecuencias alélicas y con ellas se realizó un dendrograma y un Análisis de Componentes Principales. La combinación de *primers* permitió identificar en el híbrido los tres genomas parentales, no así en el anfiploide derivado. El número promedio de alelos fue de 14,7 y la heterocigosidad de Nei de 0,95. De los marcadores analizados, EM31 y IPAHM109 presentaron mayor y menor polimorfismo, respectivamente. Se observaron tres grupos según su similitud genética: el híbrido y el anfiploide derivado conforman un grupo junto a *A. correntina* y *A. cardenasii*; otro grupo conformado por *A. batizocoi*, *A. ipaënsis* y *A. magna* y el tercer grupo corresponde a *A. monticola*.

EVALUACIÓN DE LA INTERACCIÓN DISTANCIA VARIEDAD EN CVS DE DURAZNERO EN EL VALLE DE LERMA, SALTA.

Toncovich ME, AC González, H Castro Torres, J Gómez, GE Payo. ¹INTA EEA Salta.
e-mail: mtoncovich@correo.inta.gov.ar

Las condiciones climáticas del Valle de Lerma son aptas para el cultivo de duraznero y permite probar cultivares provenientes de otras zonas para diversificar la producción. El objetivo de este trabajo fue evaluar 4 cvs de duraznero a dos distancias de plantación (1,5 y 3 m) con un sistema de manejo cultural integrado y de conducción ypsilon transversal durante los dos últimos años del ensayo. En el análisis estadístico de diámetro de tallo y rendimiento (kg/planta) para el año 2011 no hubo interacción de los factores evaluados. June Gold presentó el mayor diámetro (37,41 cm) difiriendo significativamente del menor Marawhilla con 29,18 cm y a la distancia de 3 m se observó el mayor diámetro de tallo (36,52). Alexandra presentó el mayor rendimiento con 18 kg/pl, mientras que Start Litte rindió 3,44 kg/pl. En el año 2012 no hubo interacción de los factores en diámetro de tallo, pero si en rendimiento. June Gold alcanzó el mayor diámetro (40,40 cm) y Marawilla fue el menor (30,21 cm). Las variedades Alexandra y June Gold, ubicadas a 3 m de distancia rindieron 28,42 y 25,98 kg/pl respectivamente, difiriendo significativamente de Marawhilla a 3 m (8,32 kg/pl), Marawhilla a 1,5 (8,2 kg/pl), Start Litte a 3m (419 kg/pl) y Start Litte a 1,5 (2,88 kg/ha). Estos cuatro cultivares son los que mejor se adaptaron a las condiciones ambientales y de conducción del ensayo durante ocho años. Queda pendiente el análisis longitudinal para una evaluación completa con la incorporación de variables fenológicas y climáticas.

IDENTIFICACIÓN DE MUESTRAS DE TRONCOS DE SAUCE AMERICANO MEDIANTE POLIMORFISMOS DE ADN

Nosedá P¹, R Garay R^{2,3}, V De la Calle², JC Salerno², D Lewi². ¹Papel Prensa S.A., ²Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Castelar, 1712-CC 25, Buenos Aires, Argentina, ³EEA Delta, Centro Regional BASUR, INTA.
e-mail: dlewi@cnia.inta.gov.ar

Para la elaboración de papel para diario se utilizan como materia prima pastas obtenidas de Sauces y Álamos. Cuanto mayor proporción de Sauce Americano (SA) se utilice en la pasta, mayor calidad y menor el costo de producción. A raíz de esto se desarrolló un sistema de identificación de SA partiendo de muestras de troncos, adaptando el método de extracción de ADN a partir de cambium. Como material de partida se utilizaron 150 mg de tejido obtenido por raspaje con bisturí de la cara interna de la corteza. No se observaron diferencias en la calidad del ADN extraído entre el Kit Plant DNeasy de Qiagen y el Protocolo modificado (utiliza solo los buffers de Extracción de ADN y de Precipitación de Polisacáridos del kit, continuando con 2 centrifugaciones, extracción con Cloroformo: Isoamílico y precipitación con Isopropanol). Los pellets de ADN se resuspendieron en 40 ml de Buffer TE. Los ADNs fueron cuantificados por espectrofotometría y se amplificó el microsatélite SB24 por PCR y los productos fueron analizados por PAGE. El 90 % de las muestras amplificaron en un primer intento. Las que no amplificaron fueron cuantificadas nuevamente en gel de agarosa y fueron re-amplificadas con un 85 % de éxito. Se estudiaron 840 muestras de troncos provenientes de 84 cargamentos de supuestos SA. Del total de las muestras el 87 % resultó ser SA, el 11 % no SA y el 2 % no pudo ser determinado. A su vez, el 22 % de los cargamentos contenía al menos un perfil distinto al de SA.



GPE

COMUNICACIONES LIBRES

GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

LOCUS DE CARÁCTER CUANTITATIVO PARA RESISTENCIA A LA DESECACIÓN EN *Drosophila melanogaster*

Gomez FH, P Sambucetti, FM Norry. Departamento de Ecología, Genética y Evolución e IEGE-BA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
e-mail: fnorry@ege.fcen.uba.ar

La sobrevivencia en condiciones de muy baja humedad relativa es un complejo carácter que presenta un patrón adaptativo de variabilidad genética en poblaciones y especies de *Drosophila*. El objetivo del presente trabajo fue identificar los QTL (Quantitative Trait Loci) para la resistencia a la desecación en 54 líneas RIL (Recombinant Inbred Lines) de *Drosophila melanogaster* originadas a partir de un cruzamiento entre poblaciones de diferentes continentes. Se cuantificó el tiempo de sobrevivencia (TS) de 40 moscas de cada RIL en tubos secos en condiciones de humedad relativa inferior al 10 %. Para el mapeo de QTL se analizaron los tres cromosomas mayores de la especie. El carácter estudiado (TS) mostró un dimorfismo sexual marcado ($P < 0.01$) en un sub-conjunto de las líneas RIL. Un mapeo del intervalo compuesto reveló un QTL de gran efecto en los machos solamente, que mapea entre las bandas 5 y 20 del cromosoma X. Este QTL incluye más de 40 genes candidatos de los cuales un estudio previo mostró que cambian sus niveles de expresión como una respuesta a la selección artificial sobre la resistencia a la desecación. El presente trabajo indica que la base genética de la resistencia a la desecación puede diferir parcialmente entre los sexos, y revela un QTL de gran impacto en los machos del insecto modelo estudiado.

ÉXITO DE APAREAMIENTO ENTRE LÍNEAS DE ALTA Y BAJA RESISTENCIA AL CALOR DE *Drosophila melanogaster*

Stazione L, FM Norry, P Sambucetti. Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).
e-mail: pablosambucetti@ege.fcen.uba.ar

La temperatura afecta fuertemente el nivel actividad de los organismos en la naturaleza, en especial en ectotermos. Los genes o sistemas de respuesta al estrés también pueden tener efectos directos sobre otros caracteres relacionados al fitness, como es el éxito de apareamiento. El objetivo de este trabajo fue explorar el efecto de un QTL (Quantitative Trait Loci) de resistencia al calor sobre el éxito de apareamiento en baja y moderada temperatura en *Drosophila melanogaster*. Se utilizaron 2 líneas homocigóticas para un marcador microsatélite que mapea sobre un QTL para la resistencia al calor en el cromosoma X (bandas 10A1-A2). Cada línea es homocigota para alelos con efectos opuestos sobre la resistencia al calor para el QTL mencionado. Se midió el éxito de apareamiento a 25 y 33°C (con y sin pre-tratamiento de calor) en cajas con 20 machos y 20 hembras de cada línea. Las parejas en cópula fueron colectadas y posteriormente identificadas. No se observaron diferencias significativas en el éxito de apareamiento en alta temperatura (33°C) entre moscas de las líneas de alta y baja resistencia al calor. Al aplicar un pre-tratamiento de calor tampoco se detectaron diferencias significativas entre las líneas en su éxito de apareamiento. Sin embargo, a 25°C los machos de la línea de alta resistencia al calor fueron más exitosos en su apareamiento en comparación a la de baja resistencia. Estos resultados muestran la existencia de diferencias en el éxito de apareamiento entre las líneas a moderada temperatura y la presencia de una interacción genotipo x ambiente para este carácter.

VARIACIÓN DE CUATRO SNPS DEL GEN OPRM1 EN LA POBLACIÓN DE RESISTENCIA (CHACO)

Raggio MC, LA Glesmann, CI Catanesi. Lab. de Genética Molecular IMBICE. CC403 (1900) La Plata.
e-mail: ccatanesi@imbice.gov.ar

El sistema opioide cumple un importante rol en la señalización del dolor. El receptor μ , objetivo primario de la morfina, es el de mayor interés biomédico. El gen que lo codifica, OPRM1, presenta numerosos polimorfismos de tipo SNP. En la ciudad de Resistencia conviven actualmente poblaciones de distinto origen étnico, incluyendo grupos nativos chaqueños, criollos y descendientes de europeos. Las poblaciones de distinta procedencia étnico-geográfica pueden portar diferentes variantes en genes que influyen en características fenotípicas complejas. Con el objetivo de describir la variación actual de OPRM1 en la población de esa ciudad, se tipificaron 4 SNP: rs1799971 (A/G), rs1799972 (C/T), rs540825 (T/A) y rs562859 (C/T) mediante PCR-RFLP en muestras de ADN de 85 individuos procedentes de Resistencia. Se estimaron frecuencias alélicas y genotípicas, Equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW) diversidad génica y desequilibrio de ligamiento (LD), utilizando Arlequin 3.5. Los 4 marcadores se ajustaron al EHW, la diversidad génica media fue de 0,263 y se estimó la presencia de 8 haplotipos. Salvo rs1799972, los restantes marcadores presentaron valores de LD significativos entre ellos. En la comparación con datos publicados para la población de la ciudad de Corrientes, el F_{st} obtenido no fue significativo ($p > 0,05$). Si bien los resultados obtenidos serán confirmados mediante el análisis de un mayor número de individuos, las similitudes halladas con los datos de Corrientes pueden deberse a la proximidad geográfica y al elevado flujo migratorio entre ambas capitales del noreste argentino.

HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES EN *Cebus nigratus* Y *Cebus libidinosus* BASADOS EN EL ANÁLISIS DEL D-LOOP

Hassel DL^{1,2}, MD Mudry¹, CF Argüelles^{1,2}, M Nieves¹. ¹Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Dpto. EGE, IEGEBA, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (Universidad de Buenos Aires, Argentina), ²Grupo de Investigaciones en Genética Aplicada, IBS, Nodo Posadas, (UNaM-CONICET).
e-mail: hasseld@ege.fcen.uba.ar

C. nigratus (CNI) y *C. libidinosus* (CLI) conforman el extremo austral de distribución geográfica del género de primates. *C. nigratus*, catalogada por la IUCN como especie NT (Near Threatened) está presente en gran parte de la provincia de Misiones, en el mayor remanente de Selva Atlántica Interior. En estudios poblacionales y de conservación, un marcador genético muy utilizado por su gran variabilidad es el D-loop mitocondrial. La detección de haplotipos mitocondriales específicos permite determinar la existencia de subestructuración genética en el área de distribución de una especie. Con este objetivo, mediante la utilización de primers universales (L15926 y H00651), se amplificó y secuenció una región de ~600 pb del D-loop en 10 ejemplares: 5 CNI y 5 CLI. Se escogieron las secuencias de 2 CNI y se diseñaron primers específicos: LD_CNI555 y HD_CNI555, que fueron ensayados en 2 ejemplares, 1 CNI y 1 CLI obteniéndose un amplicón de ~450 pb. Las secuencias obtenidas mostraron una identidad del 93% para CNI y del 94% para CLI en comparación con la región correspondiente en el genoma mitocondrial de *C. apella* depositada en Gen Bank (>gb|JN380205.1|), representando en ambos casos haplotipos únicos para los dos ejemplares analizados con la ocurrencia de una transición C>T entre CNI y CLI. El estudio de esta región en individuos silvestres de CNI en distintas áreas protegidas de Misiones, contribuirá como conocimiento de base para evaluar el estatus de conservación asignado a esta especie y en el desarrollo de conectores entre las distintas áreas protegidas de la provincia.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CARPINCHO, *Hydrochoerus hydrochaeris*

Byrne MS¹, MH Cassini², RD Quintana³, ML Bolkovic⁴, JI Túnez⁵.

¹GEMA, Departamento de Ciencias Básicas, UNLu-CIC, ²Laboratorio de Biología del Comportamiento, IBYME-CONICET, ³UNSAM-FCEyN, UBA-CONICET, ⁴Dirección de Fauna Silvestre, SAyDS, ⁵GEMA, Departamento de Ciencias Básicas, UNLu-CONICET.
e-mail: soledadbyrne@hotmail.com

La estructura genética del carpincho en parte su distribución geográfica fue analizada utilizando haplotipos de la región control del ADN mitocondrial en 5 poblaciones de Argentina: Mercedes (Corrientes, n = 9), El Socorro (Corrientes, n = 5), San Javier (Santa Fe, n = 5), PN El Palmar (Entre Ríos, n = 4) y Bajo Delta (Buenos Aires, n = 5). Estos haplotipos junto con los disponibles en el GenBank para poblaciones de Paraguay (n = 110) y Venezuela (n = 153) fueron analizados a fin de establecer la posible existencia de unidades genéticamente distinguibles. En total se identificaron 21 haplotipos de 157 pb, 9 de Argentina, 8 de Paraguay, uno de los cuales fue compartido con Argentina, y 5 de Venezuela. La estructura genética poblacional fue analizada mediante un AMOVA. Los resultados sugieren que: (1) Venezuela es una población genéticamente diferente de las demás y podría considerarse como una Unidad Evolutivamente Significativa independiente, (2) Paraguay presentó cierto grado de diferenciación genética respecto a las poblaciones Argentinas, por lo que podría considerarse como una Unidad de Conservación distinta, (3) las poblaciones de Argentina presentaron una moderada estructuración genética, que se debería a la distancia geográfica que las separa teniendo en cuenta las principales vías de dispersión a través de los Ríos Paraná y Uruguay. Futuros trabajos que incluyan un mayor número de muestras y el uso de otros marcadores, ayudarán a determinar con mayor precisión la estructura genética, las vías de dispersión y el estado de conservación de las poblaciones argentinas.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES SILVESTRES DE JABALÍ DE ARGENTINA

Figuerola CE¹, MI Sagua¹, GP Fernández¹, BN Carpinetti², ML Merino^{1,3}.

¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, ²Universidad Nacional Arturo Jauretche, ³CICPBA.
e-mail: figuerola_gnr@hotmail.com

El jabalí (*Sus scrofa scrofa*) (Suidae – Artiodactyla), representa el origen genético de los cerdos domésticos actuales y es una de las especies de mamíferos ligada al hombre desde tiempos prehistóricos, constituyendo un importante recurso económico y cinegético. En la Argentina, se introdujo a principios del siglo XX en la provincia de La Pampa, desde donde se dispersó hacia el Norte invadiendo San Luis, Córdoba y Santa Fe, y hacia el Sur llegando hasta Río Negro y Buenos Aires, posiblemente también ingresó desde Uruguay a partir de 1920. Actualmente en nuestro país existen escasos trabajos de investigación sobre el análisis de variabilidad genética del jabalí. El objetivo de este trabajo es el de caracterizar dicha variabilidad en las diferentes poblaciones muestreadas, estudiar la dinámica poblacional entre ellas y estimar su dispersión a partir de los centros originales de introducción mediante el uso de técnicas moleculares. Con este fin se utilizará como marcador genético a la región control (RC) del ADN mitocondrial. El ADN fue extraído para 70 muestras representativas de las poblaciones silvestres de jabalí de Argentina, para las cuales será amplificado, purificado y secuenciado un segmento de ~1050pb de la RC. A partir de las secuencias obtenidas (y la utilización de softwares específicos) será caracterizada la variabilidad genética, las relaciones haplotípicas, y las reconstrucciones filogenéticas entre los diferentes grupos analizados. La interpretación de estos resultados nos permitirá comprender la dinámica de expansión de esta especie en nuestro país.

ESTUDIO DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE VICUÑAS BAJO DISTINTOS SISTEMAS DE MANEJO

Anello M¹, MS Daverio¹, SR Romero², F Rigalt³, L Vidal Rioja¹, F Di Rocco¹. ¹Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-CICPBA La Plata, Buenos Aires, ²EEA Abra Pampa, INTA-Jujuy, ³EEA, INTA Catamarca.
e-mail: fdirocco@imbice.gov.ar

La vicuña (*Vicugna vicugna*) estuvo al borde de la extinción hacia fines de los 60. Afortunadamente, el dictado de leyes para su protección permitió su recuperación numérica. Actualmente existen dos sistemas de manejo para el aprovechamiento de su fibra: en silvestría y en semicautiverio. Aunque económicamente pueden ser viables, el impacto genético y ecológico de la utilización de la especie debe ser controlado para asegurar un uso sustentable de este recurso. En este trabajo se analizó la diversidad genética de 5 poblaciones de vicuñas de las provincias de Catamarca y Jujuy bajo ambos sistemas de manejo. En 135 muestras totales se amplificaron 10 marcadores STR y se emplearon los programas Arlequín y Fstat para evaluar los parámetros de diversidad genética. En general, se encontró alta diversidad genética en todas las poblaciones. Las heterocigosidades medias observadas y esperadas fueron mayores a 0,6 en todos los casos mientras que el número medio de alelos (K) fluctuó entre 6,1 y 6,5. A pesar de tener el mayor tamaño muestral, la población en semicautiverio mostró el menor valor de K. Los valores del coeficiente de endogamia (FIS) no mostraron una consanguinidad significativa en las poblaciones estudiadas. El índice de fijación (FST) evidenció diferenciación genética significativa entre las poblaciones, con una correlación entre la distancia genética y la geográfica. También se calculó el índice de Garza-Williamson, obteniéndose valores menores a 0,4 en todas las poblaciones. Esto refleja la drástica reducción poblacional que sufrió esta especie en el pasado.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LOS SEGMENTOS DE EXPANSIÓN D2-D3 EN *Nacobbus aberrans sensu lato*

Lax¹ P, JC Rondan Dueñas², CN Gardenal³, ME Doucet¹. ¹IDEA (CONICET-UNC) y Centro de Zoología Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, ²CEPROCOR, Córdoba, ³IDEA (CONICET-UNC) y Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba.
e-mail: jrondan@efn.uncor.edu

Nacobbus aberrans es un nematodo fitófago que posee importancia cuarentenaria por los daños que ocasiona a la agricultura. Actualmente, su situación taxonómica es poco clara y se considera la existencia de un complejo de especies dentro de *N. aberrans sensu lato*. Los segmentos de expansión D2-D3 del gen 28S del ADN ribosomal han mostrado ser útiles para separar especies de distintos géneros de nematodos fitófagos. Por el momento, no existen secuencias de *N. aberrans* publicadas en el GenBank. El objetivo de este trabajo fue analizar las relaciones filogenéticas en 10 poblaciones argentinas provenientes de distinto origen geográfico y asociadas a diferentes hospedadores, en base a secuencias de este marcador molecular. A partir de ADN extraído de juveniles del nematodo, se amplificó y secuenció un fragmento de 754 pb. Análisis filogenéticos con Neighbour Joining y Maximum Likelihood permitieron diferenciar tres grupos, con altos valores de soporte estadístico: I) poblaciones extraídas de: pimiento (Catamarca), remolacha (Santa Fe), papa (Catamarca) y tomate (Córdoba, Buenos Aires, Mendoza y Tucumán); II) una población de Córdoba (quinoa) y Tucumán (papa); III) una población de Jujuy, parásita de papa andina. El agrupamiento no mostró relación con respecto al hospedador y los grupos coincidieron con resultados obtenidos para los patrones de RFLP de la región ITS, considerando las mismas poblaciones. Se pone en evidencia la utilidad del gen 28S para diferenciar poblaciones de este nematodo.

ESTRUCTURA GENÉTICA Y REINFESTACIÓN POR *Triatoma infestans* EN EL GRAN CHACO ARGENTINO

Piccinali RV^{1,2}, RE Gürtler^{1,2}. ¹Laboratorio de Eco-Epidemiología. Dpto EGE. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Argentina, ²IEGEB. CONICET.
e-mail: rpicci@ege.fcen.uba.ar

Pese a los importantes avances de la Iniciativa del Cono Sur, el Gran Chaco es una región que continúa con una importante transmisión vectorial de *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas, debido, entre otros factores, a una gran infestación domiciliar por *Triatoma infestans*, principal vector del parásito en esta área. Este trabajo se propone indagar en la dinámica de reinfestación de las casas por *T. infestans* analizando la estructura genética de este insecto y el origen de individuos reinfestantes en parajes rurales aledaños a la localidad de Pampa del Indio, Chaco, los cuales fueron rociados con insecticidas entre 2007-2009 y siguen actualmente bajo vigilancia entomológica. Para ello, se genotiparon para 10 loci microsatélites insectos colectados en 5 sitios peridomésticos en el paraje rural Campo Los Toros antes (N=99) y después (N=11) de un rociado masivo con insecticidas. Luego se realizaron análisis bayesianos para determinar la estructura genética pre-rociado y el origen de los individuos de post-rociado. Se detectaron dos o tres grupos genéticos en los insectos de pre-rociado, con grados variables de mezcla (admixture) en los individuos de cada sitio. Todos los insectos de post-rociado fueron asignados a su sitio de captura, con excepción de una ninfa, que resultó un migrante de primera generación. Estos resultados muestran la existencia de estructura genética pre-rociado en las poblaciones de *T. infestans*, y que la mayor parte de los individuos de post-rociado provendría de focos residuales que sobrevivieron al rociado con insecticidas.

EVOLUCIÓN DE LOS INDICADORES DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN UNA POBLACIÓN DE *Euterpe edulis* MARTIUS

Montagna T^{1,2}, JZ Silva^{1,2}, MS Reis^{1,2}. ¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais/Universidade Federal de Santa Catarina, ²Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina.
e-mail: gunnermontagna@gmail.com

Euterpe edulis (Arecaceae) es una especie nativa de la Mata Atlântica, que ocurre en Argentina y Brasil. Fue la principal palmera productora del palmito en la región Sur del Brasil, y hoy es creciente la utilización de sus frutos para la producción del açaí (pulpa). El conocimiento de la diversidad genética, bien como su evolución a lo largo del tiempo, juega un rol importante en la delineación de estrategias de conservación para *E. edulis*. El objetivo de este estudio fue evaluar cómo se comportan los indicadores de diversidad genética en una población de *E. edulis* durante 13 años. Para el estudio se muestrearon 950 matrices de *E. edulis*, a través de 24 parcelas permanentes (40 m x 40 m) en un fragmento ubicado en la Floresta Nacional de Ibirama, Estado de Santa Catarina. Fueron revelados 13 locus isoenzimáticos. En 1997, cuando empezaron los estudios, la muestra contenía 472 matrices, que presentaron 30 alelos, $\hat{H}_e = 0,262$, $\hat{H}_o = 0,236$ y $f = 0,098$ ($p < 0,01$). En 2010, último año de evaluación, el número de matrices había aumentado para 950 y este conjunto presentó 33 alelos, $\hat{H}_e = 0,252$, $\hat{H}_o = 0,236$ y $f = 0,064$ ($p < 0,01$). El f de 1997 es significativamente distinto del f de 2010 ($p < 0,01$) lo que señala una reducción de 35% en el f en 13 años, indicando que la población puede alcanzar el equilibrio de Hardy-Weinberg con el paso del tiempo. Es importante decir que el fragmento fue explotado por la última vez en la década de 1950 lo que sugiere que *E. edulis* posee una gran capacidad de restablecer el equilibrio, a partir de su propia regeneración natural, a lo largo de los años.

ANÁLISIS DEL GEN ADH Y REGIÓN ITS PARA LA IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA DE UNA POBLACIÓN DE *Nothofagus*

Azpilicueta MM¹, V El Mujtar¹, P Marchelli^{1,2}, LA Gallo¹. ¹INTA EEA Bariloche, ²CONICET Argentina.
e-mail: mmazpilicueta@bariloche.inta.gov.ar

Los robles más septentrionales de la Argentina del género *Nothofagus* en Lagunas de Epulauquen (Neuquén) son considerados una población de *Nothofagus obliqua*. Sin embargo, características diferenciales en caracteres foliares, seminales, arquitecturales y moleculares respecto a otras poblaciones argentinas de la especie, han planteado dudas sobre su estatus taxonómico. Con el objetivo de avanzar en su identificación analizamos la secuencia de dos regiones del genoma. La región del gen ADH (alcohol deshidrogenasa) se seleccionó por su poder de discriminación entre especies del género y la región ITS (secuencia del espaciador interno transcrito) por su extendida utilización en estudios filogenéticos. Se analizaron individuos de Lagunas de Epulauquen junto a individuos correspondientes a los taxones emparentados *Nothofagus glauca*, *Nothofagus nervosa*, *Nothofagus leoni* y *Nothofagus macrocarpa* e individuos de *N. obliqua* de otras poblaciones chilenas y argentinas. Las variantes nucleotídicas encontradas en Lagunas de Epulauquen para ADH corresponden a las halladas en *N. obliqua*, lo que descarta la hipótesis de hibridación con *N. nervosa* formulada en estudios previos en base a isoenzimas. El análisis de la región ITS sugiere que Lagunas de Epulauquen correspondería a *N. obliqua*. El alto grado de aislamiento geográfico y un posible origen glaciario en el norte de Chile habrían impartido características diferenciales, potencialmente adaptativas, a esta población. Los resultados confirmarían su inclusión en los programas de conservación y mejoramiento de la especie en nuestro país.

DIVERSIDAD FENOTÍPICA Y DETERMINACIÓN DEL GRADO DE ENDOCRÍA EN POBLACIONES NATURALES DE CURUPAY

Mazo TM¹, ME Barranteguy^{1,2,3}, MV García^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: tam_maggi@hotmail.com

La diversidad genética se cuantifica mediante la variabilidad genética dentro de poblaciones y se caracteriza tanto a partir de estados alélicos discretos como a partir de caracteres poligénicos. La endocría, junto a la depresión por endocría, son procesos importantes en biología y en conservación de poblaciones naturales. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Se estudiaron individuos de cuatro poblaciones ubicadas en dos provincias biogeográficas: Yungas y Paranaense. Se estimaron los niveles de diversidad genética y el grado de endocría mediante la determinación de la relación entre la reducción de la heterocigosis en *loci* neutrales y la reducción de heterocigosis en caracteres poligénicos. Se analizaron ocho caracteres poligénicos y ocho *loci* SSRnu. Se estimó la heterocigosidad observada (H_o) y la esperada (H_e). Se realizó un ANOVA de una vía para analizar la variación fenotípica y un AMOVA para particionar la variación genética neutral. El efecto de la endocría en caracteres poligénicos se infirió desde *loci* neutrales basándose en la ecuación $M_{ok} = M_p - IDF_{ITk} + k$, la cual se usó como modelo de regresión lineal para estimar la depresión por endocría (ID) y la media esperada del carácter cuantitativo (M_p). Los caracteres reproductivos presentaron valores medios estadísticamente significativos en todas las poblaciones. Se detectó un déficit de homocigotas estando la variación neutral mayormente contenida dentro de poblaciones (88,94%). Ninguno de los caracteres poligénicos presentó depresión por endocría.

ESTIMAS DE FLUJO GÉNICO MEDIADO POR POLEN Y POR SEMILLAS EN *Anadenanthera colubrina* VAR. *cebil*

Barrandeguy ME^{1,2,3}, R Rivera Pomar^{3,4}, MV García^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética, FCEQyN - UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, ⁴Laboratorio de Genética y Genómica Funcional, Centro Regional de Estudios Genómicos, UNLP.
e-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Flujo génico es un término que incluye todos los mecanismos resultantes en el movimiento de genes entre poblaciones, ocurriendo en especies vegetales mediante el movimiento del polen y de las semillas. *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (curupay) es una leguminosa nativa de Sudamérica presentando, en Argentina, una distribución discontinua restringida a las provincias fitogeográficas Paranaense y Yungas. Se estudiaron 69 individuos del Norte argentino provenientes de ocho sitios de muestreo empleando ocho microsátélites nucleares y cuatro microsátélites cloroplásticos. Se estimó el flujo génico de manera indirecta y la proporción flujo génico por polen/flujo génico por semillas bajo el modelo de islas empleando la ecuación de Ennos (1994) y bajo el modelo de aislamiento por distancia empleando una prueba de paralelismo entre regresiones lineales de las distancias geográficas para todos los pares de subpoblaciones en relación a la similitud genética entre ellas obtenidas mediante ambos marcadores. El flujo génico histórico mediado por polen y por semillas contrarrestó los efectos de la deriva genética ($N_e m_b = 2$) mientras que el flujo génico histórico mediado únicamente por semillas no lo contrarrestó ($N_e m_m = 0,027$). El flujo génico mediado por polen superó en 144 veces al flujo génico mediado por semillas. La prueba de paralelismo entre regresiones lineales arrojó un valor de $T=13,35$ el cual resultó estadísticamente significativo y confirma el menor flujo génico mediado por semillas en relación al flujo génico total.

SIGNOS DE ADAPTACIÓN A NIVEL MOLECULAR: PRUEBAS DE NEUTRALIDAD DE SSRNU EN POBLACIONES DE CURUPAY

García MV^{1,2,3}, ME Barrandeguy^{1,2,3}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La diferenciación genética entre poblaciones analizada por SSR es, casi exclusivamente, explicada por deriva genética mientras que el rol potencial de la selección es, en general, ignorado. Diversos estudios han incrementado la evidencia de la no neutralidad de algunos loci SSR. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Ocho loci SSR fueron analizados en individuos de cuatro poblaciones ubicadas en dos regiones biogeográficas: Paranaense y Yungas para testar el comportamiento neutral de estos marcadores y detectar posibles signos de la acción de la selección. Se estableció el número de alelos y el índice F_{ST} por locus. Además, se estimó la riqueza alélica poblacional. La neutralidad fue testada mediante el método de detección de outliers evaluando la relación entre F_{ST} y H_e . Además, se aplicó el test de Ewens-Watterson para definir las configuraciones alélicas y el test de homocigosis de Watterson junto al test exacto de Slatkin para establecer la probabilidad de neutralidad para cada locus. El test de outliers detectó alejamiento de la neutralidad para los loci *Ac11.2* y *Ac41.1*. Estos loci también mostraron los valores de F_{ST} superiores (0,15 y 0,25, respectivamente). Sin embargo, el locus *Ac11.2* mostró un comportamiento errático en las diferentes pruebas. Por su parte, el locus *Ac41.1* mostró un alejamiento de la neutralidad al aplicar el test de Ewens-Watterson ($P=0,05$). Los resultados sugieren que el locus *Ac41.1* estaría bajo selección purificadora en tanto que el resto de los loci presentarían un comportamiento neutral.

ANÁLISIS DE UN INTRÓN CLOROPLÁSTICO PARA EL ESTUDIO DE EVENTOS DEMOGRÁFICOS HISTÓRICOS EN EL CURUPAY

Calonga Solís V^{1,2}, ME Barrandeguy^{1,3,4}, MV García^{1,3,4}. ¹Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Departamento de Genética. FCEQyN. UNaM, ²Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica – Peia de Misiones, ³Instituto de Biología Subtropical (UNaM – CONICET), ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.
e-mail: vercasol@gmail.com

Los procesos demográficos históricos están involucrados en la distribución geográfica contemporánea de la variación genética pudiendo contribuir a la divergencia poblacional. En angiospermas, la variación poblacional neutral del genoma cloroplástico es empleada para el estudio de estos procesos. El curupay (*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*) es una especie forestal nativa de Sudamérica. Se analizó la distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica en cuatro poblaciones ubicada en las provincias biogeográficas Paranaense y de las Yungas para estudiar los eventos demográficos históricos. Se analizó un fragmento de 600pb del intrón *trnL* del genoma cloroplástico. Se estimaron los índices de diversidad nucleotídica (π) y haplotípica (h), el número medio de sustituciones nucleotídicas (k) y la riqueza haplotípica (Hr). Las relaciones entre los haplotipos identificados se representaron en una red de haplotipos construida empleando el algoritmo *Median-Joining* (MJ). Se realizó un AMOVA para particionar la variación genética y un SAMOVA para identificar patrones alternativos de subdivisión poblacional. Las poblaciones presentaron niveles reducidos de diversidad genética cloroplástica, niveles elevados de estructuración genética y haplotipos propios en relación a la provincia biogeográfica de origen. La distribución geográfica contemporánea de la variación genética cloroplástica refleja los efectos de la fragmentación histórica.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Araucaria angustifolia* EN EL BORDE ESTE DEL ALTIPLANO CATARINENSE, BRASIL

Schussler G^{1,2}, T Montagna^{1,2}, C Cristofolini^{1,2}, A Mantovani³, MS Reis^{1,2}. ¹Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetales, RGV/ UFSC, ²Núcleo de Investigación en Bosques Tropicales, NPFT, ³Universidad del Estado de Santa Catarina, UDESC.
e-mail: gschussler2000@yahoo.com.br

Araucaria angustifolia (Bert.) O. Ktze, una especie relictiva, que sobrevivió a intensos disturbios climáticos durante toda su historia de vida. En fases cuando el clima se tornaba desfavorable, ocurría la retracción de las poblaciones en refugios. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad genética en el Parque Nacional de São Joaquim (28°9'57,63"S e 49°35'0,54"O), en dos poblaciones distantes entre sí 3 Km. En cada población fueron muestreados 50 individuos adultos y 50 regenerantes, manteniendo una distancia media de 50 m entre cada individuo. El genotipado fue realizado a través de marcador isoenzimático utilizando los sistemas: 6PGDH, SKDH, MDH, PGM, PGI, ACP, ME, LAP, IDH e GOT. Se estimaron los siguientes índices: número de alelos, alelos por loci polimórficos (A_p), diversidad genética (H_e), heterocigosidad observada (H_o) y índice de fijación (F). Los 10 sistemas permitieron la evaluación de 12 loci, de los cuales ocho fueron polimórficos. Se percibió la ocurrencia de alelos exclusivos en determinados loci. Fue muestreado un conjunto de 25 alelos distintos en total. Los valores medios de H_e y H_o fueron de 0,083 y 0,078. El valor medio de F fue de 0,060, siendo significativamente diferente de cero ($p < 0,05$) apenas para una de las poblaciones de adultos (0,216). A pesar de la proximidad, las frecuencias alélicas sugieren que las poblaciones muestreadas tienen históricos de formación distintos, indicando que estudios en estos lugares pueden aclarar cuestiones importantes sobre la evolución de la especie y sobre los refugios del pleistoceno.

RELACIONES FILOGEOGRÁFICAS ENTRE POBLACIONES ARGENTINAS DE *Calophyllum brasiliense* CAMB. BASADAS EN ADNCP

Percuoco CB^{1,2}, LN Talavera Stéfani^{1,3,4}, ME Rodríguez⁴, AE Cardozo⁴, NL González⁴, CB Sorol⁴, JV Crisci⁵, CF Argüelles¹. ¹Laboratorio GIGA- Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas (UNaM-CONICET), ²Becaria Tipo II CONICET, ³Becaria Tipo I CONICET, ⁴FCEQyN – UNaM, ⁵Laboratorio LASBE (FCNyM – UNLP). e-mail: ceciliapercuoco@gmail.com

C. brasiliense Camb., “arary”, es una especie arbórea exclusiva de ambientes fluviales y anegados. Los registros más australes de su ocurrencia se observan en poblaciones del NE de Argentina en pequeños remanentes de selvas ribereñas del Río Paraná, en las provincias de Misiones y Corrientes. Bajo la hipótesis de que las poblaciones argentinas pertenecieron a un continuo de selva ribereña en el pasado, y que las mismas han atravesado un extenso proceso de fragmentación provocando la diferenciación genética de las mismas, el objetivo del presente trabajo fue establecer relaciones filogeográficas entre las poblaciones de San Ignacio (Mnes.), Rincón Ombú y Puerto Valle (Ctes.) a partir del estudio de regiones del genoma cloroplástico. Se amplificaron y secuenciaron 2 regiones cloroplásticas, petG-trnP y psbJ-petA. El análisis se realizó en conjunto con 5 regiones estudiadas previamente, contabilizando 8.450 pb del genoma plastidial (5,3 %). Se identificó un único haplotipo cloroplástico para todas las regiones en las 3 poblaciones argentinas. Este hallazgo confirma la hipótesis acerca de la existencia del continuo de selvas ribereñas. Teniendo en cuenta que los procesos de fragmentación ocurridos en la región fueron intensos, se esperaba que las poblaciones mostraran algún grado de diferenciación genética. No obstante, es probable que el tiempo transcurrido haya sido insuficiente para que surjan y se fijen variantes haplotípicas en el genoma plastidial. De esta manera, estos resultados confirman el origen común de los remanentes de “arary” hacia el sur de la Selva Paranaense.

REORDENAMIENTO GENÓMICO EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DEL GÉNERO *Solanum*

Ferrer MS^{1,2}, CF Marfil¹, RW Masuelli^{1,3}. ¹Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM) CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza, ²Instituto de Ciencias Básicas, UNCuyo, Mendoza, ³EAA La Consulta INTA. e-mail: ferrerms@gmail.com

La hibridación interespecífica entre especies tuberosas del género *Solanum* es un evento común y relevante en la generación de nuevos taxa. *Solanum x rechei* (*rch*) es una especie originada por hibridación entre *S. kurtzianum* (*ktz*) ($2n=2x=24$) y *S. microdontum* (*mcd*) ($2n=3x=36$ y $2n=2x=24$). El objetivo general fue caracterizar genéticamente poblaciones naturales de las tres especies y regenerar el evento de hibridación ocurrido en la naturaleza. Se llevaron a cabo cruzamientos sexuales controlados y se contaron cromosomas en plantas de poblaciones naturales e híbridos sintéticos. Se utilizaron marcadores microsatélites (SSR) a fin de estudiar la variabilidad genética de las poblaciones naturales y de evaluar la estabilidad genómica de los híbridos sintéticos. Para dilucidar la dirección del cruzamiento que dio origen a *rch* en la naturaleza se analizaron los patrones de amplificación de cinco secuencias del genoma mitocondrial en todas las poblaciones naturales. Análisis citológicos mostraron que las poblaciones de la especie *mcd* son citotipos triploides y que *rch* es una mezcla de citotipos diploides y aneuploides. A partir del análisis del genoma mitocondrial demostramos que *mcd* actuó como parental femenino en el cruzamiento que originó a *rch* en el área de hibridación. Los patrones de amplificación de 13 SSR mostraron fragmentos únicos, no presentes en los padres, en los híbridos tanto naturales como sintéticos lo que indica que la hibridación interespecífica indujo un reordenamiento genómico entre el 4% y 16% de los fragmentos analizados.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DIPLOIDES Y AUTOPOLIPOIDES DE *Turnera sidoides* SUBSP. *pinnatifida*

Moreno EMS¹, NS Mola Moringa¹, AF Panseri¹, VG Solís Neffa^{1,2}.
¹Instituto de Botánica del Nordeste, ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura.
 e-mail: sariu_200@hotmail.com

Turnera sidoides subsp. *pinnatifida* es, dentro del complejo autopoliploide *T. sidoides* ($x=7$), la subespecie con mayor distribución geográfica y es la más variable morfológicamente. Cuenta con cinco morfotipos que presentan niveles de ploidía desde $2x$ hasta $6x$. En el marco de los estudios evolutivos que se llevan a cabo en el complejo y a fin de contribuir a la comprensión de los procesos que condujeron a la diversificación del mismo, en este trabajo se analiza la variabilidad y estructura genética de poblaciones diploides y poliploides representativos de los cinco morfotipos empleando RAPDs. Los resultados obtenidos demostraron que los morfotipos se diferencian en los polimorfismos que presentan, siendo estas diferencias más evidentes entre poblaciones diploides. Dentro de cada morfotipo, las diferencias en variabilidad genética observadas en los poliploides respecto de los diploides, podrían ser el resultado del origen múltiple de dichos poliploides a partir de poblaciones diploides genéticamente diferenciadas, del flujo génico entre autotetraploides de orígenes independientes, así como de la ocurrencia de rearrreglos genómicos durante el proceso de autoploidización. La falta de correlación entre la distancia genética y la distancia geográfica sugiere que, en esta subespecie, la variabilidad genética observada no puede ser explicada bajo un modelo de flujo génico de aislamiento por distancia, siendo el resultado de deriva génica. Todos estos resultados sustentan la hipótesis de la diversificación de *T. sidoides* subsp. *pinnatifida* a nivel diploide.

CRUZAMIENTOS DIRIGIDOS PERMITEN INTERPRETAR RELACIONES DE HIBRIDACIÓN E INTROGRESIÓN EN GIRASOL SILVESTRE

Mondon A¹, MA Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}. ¹CERZOS - CONICET, ²Dpto. de Agronomía, U.N.S.
 e-mail: almondon@criba.edu.ar

Se analizaron datos morfológicos métricos y categóricos de individuos de biotipo *Helianthus annuus* –ann–, *H. petiolaris* –pet– y fuera de tipo relevados in situ en zonas de simpatria, así como de individuos cultivados en campo experimental. Estos últimos incluyeron progenie de plantas muestreadas in situ y de cruzamientos manuales (cruzamientos cultivo x silvestre, silvestre x silvestre, retrocruzas). El análisis de componentes principales para datos métricos en las plantas evaluadas a campo permitió separar en el primer componente a los individuos ann de pet. Los híbridos interespecíficos se ubicaron entre ellos. Los híbridos cultivo/silvestre se ubicaron cercanos a sus parentales y las retrocruzas mostraron mayor similitud con el parental recurrente. Un resultado similar se observó en el análisis discriminante; cuando en este se incluyeron las plantas caracterizadas in situ, los individuos pet fueron los más uniformes, siendo dificultosa la asignación de plantas ann a su respectiva categoría. Los resultados de análisis de conglomerados fueron concordantes con los anteriores. De acuerdo a esto, la morfología permitió distinguir entre diferentes biotipos, pero la posibilidad de que existan híbridos y varias generaciones de flujo génico agregan variabilidad a las poblaciones analizadas. En algunos casos, sucesivas retrocruzas derivarían en individuos con morfologías similares a la especie *H. annuus* ssp *annuus*. Así, el uso de caracteres morfológicos e individuos “testigo” constituyen una gran herramienta a la hora de determinar el origen de individuos del género *Helianthus*.

HERENCIA DE LA AUTO-COMPATIBILIDAD EN BIOTIPOS DE *Helianthus* INVASORES DE ARGENTINA

Gutierrez A¹, F Rueda², D Scaccia², M Cantamutto^{1,2}, M Poverene^{1,2}.
¹CERZOS - CONICET, ²Dpto Agronomía UNSur.
e-mail: aguti@criba.edu.ar

El mirasolillo, *H. petiolaris*, y el girasol silvestre, *Helianthus annuus* ssp. *annuus*, son especies alógamas, de fecundación entomófila consideradas invasoras. En este género la auto-incompatibilidad se adjudica un sistema esporofítico basado en un gen con alelos múltiples. Un estudio previo (Rueda et al., ALAG 2012) demostró que algunas plantas de poblaciones argentinas de las dos especies mostraron cierto grado de producción de semilla en condiciones de auto-polinización controlada. En el presente trabajo se midió la producción de semilla de la progenie de esas plantas auto-compatibles, por auto-polinización (natural y forzada) y por polinización cruzada (natural). Se utilizó el índice SCI = semilla cuajada luego de polinización manual/ semillas cuajada luego de polinización abierta (Lloyd y Schoen Int. J. Plant Sci. 153, 1992) para clasificar las plantas en auto-compatibles o auto-incompatibles. Se observó que algunas descendencias de plantas auto-compatibles de ambas especies, producían semillas y segregaban para el índice SCI, lo que sugiere la participación de factores que afectan a las interacciones alélicas en el sistema de auto-incompatibilidad. Esos factores ambientales y genéticos se analizaron por medio de ANOVA. Los resultados apoyan la hipótesis de que la selección diferencial de la progenie durante la invasión puede dar lugar a poblaciones que derivan de plantas auto-compatibles.

EFFECTO MATERNO SOBRE LA DORMICIÓN DE SEMILLAS DE *Helianthus annuus* SILVESTRE

Acosta E¹, A Presotto^{1,2}, M Cantamutto^{1,2}. ¹Dpto. Agronomía (UNS),
²CERZOS-CONICET.
e-mail: apresotto@uns.edu.ar

La dormición de semillas es una de los principales caracteres que permite a una especie perpetuarse en el tiempo. El mejoramiento genético ha minimizado la dormición fisiológica del girasol (*H. annuus*), adjudicada al balance hormonal del embrión y/o las coberturas maternas. Dado que las poblaciones naturales de *H. annuus* de Argentina muestran gran variabilidad para este carácter se evaluó el efecto materno sobre la dormición de semilla. Mediante polinización controlada se generó semilla de cruzamientos recíprocos entre biotipos con leve (DIA) o profunda (BAR) dormición y entre estos con híbridos comerciales, Cacique CL y Paraíso 104CL. Los controles fueron semillas generadas por polinización entre hermanas y los materiales comerciales autofecundados. Luego de la cosecha se evaluó la germinación a 20 °C y 12 h de luz. Mediante ANOVA se analizó el efecto materno, paterno y la interacción. Todos los materiales presentaron una profunda dormición post-cosecha. Aunque ambos efectos fueron altamente significativos, el materno fue cuatro veces superior al paterno. La interacción entre efectos fue altamente significativa. DIA disminuyó la dormición de los cruzamientos, como parental materno y en la mayoría de los casos como parental paterno. Los resultados sugieren que las coberturas maternas tendrían una fuerte participación en el control de la dormición de semilla de los biotipos de *H. annuus* naturalizados en Argentina.

CARACTERIZACIÓN DE PLANTAS FUERA DE TIPO EN UNA POBLACIÓN DE *Brassica rapa* LINDANTE A COLZA *B. napus*

Ureta MS, F Torres Carbonell, C Pandolfo, M Cantamutto, M Poverene. Universidad Nacional del Sur, CERZOS-CONICET.
e-mail: msureta@uns.edu.ar

El cultivo de colza ($2n=4x=38$, AACC) tolerante a herbicida en nuestro país presenta el riesgo de transferencia de esa característica a especies silvestres emparentadas. La mayor frecuencia de polinización del cultivo hacia plantas silvestres se ha observado en *B. rapa* ($2n=2x=20$, AA). El objetivo del trabajo fue identificar los individuos fuera de tipo (FT) hallados en poblaciones de *B. rapa* utilizando caracteres morfológicos, análisis cromosómico y citometría de flujo. Se analizaron 1000 plantas provenientes de poblaciones de *B. rapa* del partido de Balcarce, lindantes al cultivo al momento de floración. Los individuos de *B. rapa*, se caracterizaron mediante caracteres morfológicos, utilizando descriptores internacionales (IBPGR), análisis cromosómico y citometría de flujo. Como control se utilizaron 15 plantas de *B. napus* y 15 de *B. rapa*. Se tomaron muestras de hojas jóvenes de las plantas FT y de los posibles parentales y se analizaron mediante citometría de flujo. Se utilizaron botones florales para el estudio cromosómico. Se encontraron 15 plantas con caracteres morfológicos intermedios entre el cultivo y la especie silvestre. Mediante citometría de flujo y citogenética se pudieron confirmar como híbridas 9 de 13 plantas analizadas. Los resultados obtenidos indican que los caracteres morfológicos y la citometría de flujo son adecuados para detectar individuos híbridos en *Brassica*. Asimismo que la transferencia de tolerancia a herbicidas del cultivo de colza a las poblaciones de *B. rapa* es posible, tornándolas malezas de difícil control.

UTILIZACIÓN DE UN PANEL DE 95 SNPs PARA ASIGNACIÓN RACIAL EN EL MERCADO DE CARNE CHINO

Fernandez ME, S Wei², A Rogberg Munoz¹, BL Guo², JP Liron¹, MH Carino¹, NS Castillo¹, MV Ripoli¹, L Melucci³, E Villareal³, P Peral Garcia¹, YM Wei², G Giovambattista¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT La Plata – CONICET - Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina, ²Laboratory of Agro-Products Processing and Quality Control, Ministry of Agriculture, Institute of Agro-products Processing Science and Technology, China, ³Unidad Integrada Balcarce (UIB) Fac Cs Agrarias, UNMDP – EEA (INTA) Balcarce.
e-mail: mfernandez@fev.unlp.edu.ar

En la última década ha habido un incremento en el interés de los consumidores por la calidad e inocuidad de los alimentos, incluyendo su origen. China es un importante importador de carne y productor principalmente a partir de razas nativas. El objetivo del trabajo consistió en evaluar los métodos de asignación racial para diferenciar la carne importada de la producida en China. Se evaluaron 342 animales correspondientes a 16 razas/poblaciones bovinas con 95 SNPs. Las razas analizadas incluyeron 4 poblaciones chinas y las principales razas taurinas, cebuinas y compuestas de la Argentina y la región. Los marcadores genéticos fueron tipificados mediante la técnica de MALDI-TOF utilizando una plataforma SEQUENOM. Los resultados obtenidos mostraron que, a excepción de las razas cebuinas (número promedio de alelos por marcador = 1,65) todos los SNPs en las razas/poblaciones analizadas resultaron polimórficos. La heterocigosidad esperada promedio varió entre 0,16 en Nelore y 0,47 en Holstein. El análisis de componentes principales y de asignación racial evidenció que: i. las carnes cebuinas o con mezcla ($k = 2$), así como la raza Wagyu ($k = 3$) son fácilmente identificadas; ii. las dos principales razas británicas de exportación de la Argentina son fácilmente discriminadas de las restantes ($k = 6$); y iii. a pesar que existiría un componente genético chino, las razas de ese país no forman clusters discretos. En conclusión, los resultados obtenidos evidencian que es posible diferenciar la carne importada de la producida localmente en China mediante el panel de marcadores utilizado.

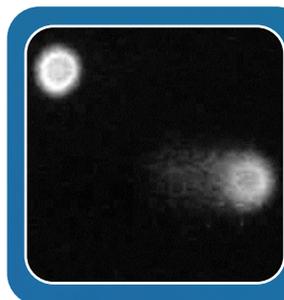
GPE 25

MONITOREO DEL SURGIMIENTO DE LA RESISTENCIA A GLIFOSATO EN LA MALEZA *Sorghum halepense*

Ulrich N¹, L Fernández¹, L de Haro^{1,2}, M C Martínez^{1,3}, JC Papa⁴, I Olea⁵, HE Hopp^{1,3}, D Tosto^{1,3}.

¹Instituto de Biotecnología, INTA Castelar, Las Cabañas y los Reseros S/N 1686 Hurlingham, Pcia de Buenos Aires, ARGENTINA, ²CONICET, ³FCEyN Universidad de Buenos Aires, ARGENTINA, ⁴EEA Oliveros INTA Santa Fé ARGENTINA, ⁵Sección Malezas, Estación Experimental Obispo Colombes, Tucumán, ARGENTINA.
e-mail: dtosto@cni.inta.gov.ar

Argentina es el tercer país a nivel mundial en cuanto a adopción de cultivos genéticamente modificados OGM. En la campaña 2011-2012 prácticamente el 100% de la superficie de soja fue sembrada con soja tolerante al herbicida glifosato, el maíz y el algodón transgénicos ocuparon el 86% y el 99% del área destinada a esos cultivos. De esta manera la producción agrícola hoy está basada en cultivos transgénicos y debe analizarse su sustentabilidad en el tiempo. La resistencia a glifosato (RG) constituye el carácter más difundido en cultivos transgénicos y la presión de selección que se ejerce sobre las malezas que son blancos de la acción del herbicida son únicas en la historia. En Argentina se comunicaron numerosos focos de RG en Sorgo de Alepo en distintos puntos del país. Muestras de *S. halepense* (55) reportadas como resistentes y susceptibles provenientes de distintas zonas del país fueron analizadas con marcadores microsátélites. Se continuó con la implementación de 12 SSR pertenecientes a 8 grupos de ligamiento diferentes y se evaluó la transferibilidad de 60 SSR nuevos desarrollados para *S. bicolor*. Hasta el momento 6 SSR presentaron las características adecuadas para ser utilizados en el monitoreo de la maleza. El análisis de agrupamiento basado en el índice de similitud de Jaccard evidenció que los individuos se agrupan según el lugar de origen y no de acuerdo a la condición de resistencia/tolerancia a glifosato. Este resultado constituye una observación más que corrobora la hipótesis ya planteada, de acuerdo a resultados previos, sobre el origen múltiple de la RG.



MCTA

COMUNICACIONES LIBRES

MUTAGÉNESIS, CARCINOGENÉNESIS Y TERATOGENÉNESIS AMBIENTAL

EFECTO ANTIMITÓTICO Y CITOTÓXICO DE *Allophyllus edulis* (A. ST. HIL. JUSS & CAMBESS) Y *Genipa americana*

Fernández V¹, DR Fernández¹, D Franco de Diana¹, N Bobadilla¹, MC Vega², M Vera³, M Martínez³, D López⁴. ¹Laboratorio de Mutagénesis Ambiental - FACEN. UNA. ²Centro para la Investigación Científica (CEDIC). ³Laboratorio de Recursos Botánicos. FACEN. UNA. ⁴Departamento de Matemática. FACEN. UNA. e-mail: vfernandez@facen.una.py

La gran diversidad de la flora paraguaya, brinda innumerables posibilidades de encontrar nuevas moléculas que podrían ser efectivas para el tratamiento de diferentes patologías. El conocimiento empírico de sus propiedades transmitido a numerosas generaciones durante muchos años, hacen que sean empleadas como fitofármaco por la población paraguaya. Se seleccionaron para este trabajo dos plantas, *Allophyllus edulis* (A. St. Hil. Juss & Cambess) y *Genipa americana* L., con el objetivo de evaluar efectos antimitóticos y potencialmente antitumorales. Con los extractos etanólicos y acuosos de las hojas de ambas plantas a diferentes concentraciones se evaluó el efecto antimitótico en células meristemáticas de *Allium cepa*, y la citotoxicidad metabólica en fibroblastos de la línea celular NCTC-929. Se encontró que las células meristemáticas de *Allium*, tratadas a diferentes concentraciones de los extractos de las plantas, presentaban una alteración en la cinética celular, evidenciada por un menor índice mitótico, un aumento de índice de profases y un aumento de células detenidas en metafase. Por otro lado las células de la línea NCTC-929, tratadas con las mismas concentraciones de los extractos mostraron una mayor citotoxicidad. Un ejemplar de cada planta se mantiene en el Herbario de la FaCEN – UNA, Paraguay.

ABERRACIONES CROMOSÓMICAS EN LA MACRÓFITA *Palustres bidens LAEVIS* EXPUESTA AL FUNGICIDA AZOXISTROBIN

Pérez DJ^{1,2}, ML Menone^{1,2}, J Tognetti^{3,4}. ¹Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMYC) CONICET- UNMDP, ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), ³Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, ⁴Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. e-mail: deborajperez@yahoo.com.ar

Azoxistrobina (AZX) es un fungicida estrobirulínico sistémico de amplio espectro que actúa por inhibición de la cadena de transporte de electrones en hongos patógenos, brindando protección a los cultivos. La genotoxicidad de AZX sobre la biota acuática no ha sido estudiada, existiendo informes de aumento de aberraciones cromosómicas (AC) en cultivos de linfocitos humanos y mutaciones génicas en células de ratón. El objetivo de este trabajo fue evaluar la frecuencia de AC inducida por AZX en la macrófita palustre *B. laevis*, debido a que el hábitat de dicha especie se encuentra vinculado a zonas de alta intensidad agrícola. Las plántulas (n= 6) se expusieron a 0; 01; 1; 10; 50 y 100 µg/L AZX durante 48 h, seguido de un período de recuperación de 24 h para finalizar el ciclo celular. Las raíces se visualizaron mediante la técnica de aplastado y se cuantificaron 200 células en anafase-telofase para el recuento de aberraciones cromosómicas en anafase-telofase (ACAT) y 100 células en metafase para el de metafases anormales (MA). Se utilizó metilmetanosulfonato (10 mg/L) como control positivo. Las frecuencias de ACAT y MA mostraron incrementos estadísticamente significativos a todas las concentraciones estudiadas de AZX, respecto del control negativo (p<0,05). Las anormalidades mayormente observadas fueron cromosomas rezagados y vagabundos en anafase-telofase y cromosomas no congregados en el ecuador metafásico. Esto indica que AZX genera aneunogénesis en *B. laevis*

ANÁLISIS DE MUESTRAS DE AGUA DEL RÍO XIBI-XIBI, JUJUY, MEDIANTE TEST DE *Allium cepa*

Bianco G¹, J Barbarich¹, J Quiquinto², E González¹, E Suarez Mendoza³, M Ojeda³, G Alejo³, N Valerio³, M Villarroel⁴, C Rudek³, N Vargas.
¹Cátedra de Genética. FCA. UNJu, ²Cátedra de Bioestadística. FCA. UNJu, ³Estudiantes de Cs. Biológicas de la FCA. UNJu, ⁴Cátedra Química Analítica de la FCA – UNJu.
 e-mail: grabiancojujuy@yahoo.com.ar

Las raíces de ciertas plantas son herramientas útiles para ensayos biológicos de toxicidad potencial, ya que son las primeras estructuras expuestas a compuestos químicos del sustrato hidropónico. Entre ellas, la cebolla (*Allium cepa*) posee un sistema radicular adecuado para estos análisis morfo-citológicos. Hay pocos estudios al respecto en el río Xibi-Xibi, siendo el objetivo de éste, determinar esos parámetros. A lo largo del cauce, a fin de 2012, se tomaron 12 muestras de agua en puntos georeferenciados. Para los ensayos respectivos se usó como medio de enraizamiento el agua muestreada en contacto con bulbos uniformes de Var. Valencianita, con 5 repeticiones por muestra, más el control. Se determinaron las variables: longitud de las raicillas (lr) a las 72 hs y se calculó el índice mitótico (IM) contabilizando 1.000 células por cada repetición. Se efectuó un ANAVA de los resultados obtenidos para las variables, y se obtuvieron diferencias significativas en la medias de los tratamientos $p=0,0001$. El test de Levene indicó que hay diferencias significativas con $p=0,0448$; encontrándose correlación lineal entre IM y lr, con $r^2=0,59$. Del análisis de los resultados, se tiene el indicio de que difiere para las variables determinadas, debido a que recibe elementos y/o sustancias presuntas causantes de toxicidad, por los aportes de efluentes localizados en los puntos donde se ubican una granja avícola, un vivero, y particularmente por la presencia de aguas residuales, de origen urbano, en la medida que el cauce medio e inferior, atraviesa la ciudad de S.S. de Jujuy.

CONSECUENCIAS DE LA EXPOSICIÓN DE TRABAJADORES RURALES A LOS AGROTÓXICOS EN LA PROVINCIA DE JUJUY

Bianco Sadir G¹, H Quinteros¹, T De la Puente¹, M Bonillo¹, E Suarez¹, N Valerio¹, G Cruz¹, J De Luca^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Jujuy. Alberdi 47, Jujuy. ²Instituto de Genética Veterinaria "Fernando Noel Dulout" (IGEVET). Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 60 y 118 s/n. CC. 296. 1900 La Plata, ³CONICET.
 e-mail: grabiancojujuy@yahoo.com.ar

El objetivo fue evaluar el efecto genotóxico de los plaguicidas en poblaciones rurales expuestas en Jujuy. Se analizó el daño cromosómico en linfocitos de sangre periférica. Se administraron encuestas y el consentimiento informado entre cada una de las personas incluidas en el estudio que contenían preguntas acerca de: edad, sexo, hábito de fumar, consumo de alcohol, lugar de residencia, agroquímicos utilizados y si usan o no protección y qué tipo. Una vez seleccionados los individuos se procedió a la extracción de sangre de 52 personas, tanto expuestas como no expuestas. La técnica estadística utilizada fue el Análisis Multivariado de Correspondencias Múltiples, con el uso de Gráfico Biplot y 2 para Pruebas de Independencia, obteniéndose que todas las variables utilizadas son dependientes de la Genotoxicidad (p -value 0,05 o menores) El software utilizado Infostat (2012). Los resultados obtenidos revelaron un aumento significativo en la frecuencia de aberraciones cromosómicas en los individuos expuestos con respecto al grupo control. Se contaron 200 metafases por individuo. Se determinó la frecuencia de aberraciones cromosómicas en el grupo de individuos no expuestos que fue de un 1 % de células anormales y en el grupo de expuestos fue de un 5 % de células anormales. Se concluye que a pesar del pequeño tamaño de la muestra, los resultados obtenidos pueden considerarse como una evidencia de genotoxicidad, debido a la exposición a agroquímicos, puesto que trabajan en la actividad agropecuaria, realizan aplicaciones con agroquímicos y no utilizan una indumentaria adecuada.

EFECTO DE BUTIONINA SULFOXIMIDA EN CÉLULAS EXPUESTAS A BAJAS DOSIS DE RADIACIÓN

De Luca JC^{1,3}, DM Lopez-Larrazza². ¹Instituto de Genética Veterinaria "Fernando Noel Dulout" (IGEVEV). Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 60 y 118 s/n. CC. 296. 1900 La Plata. ²Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) (CICPBA-CONICET), La Plata, Argentina. ³CONICET.

Durante la última década, varios informes han aportado pruebas sobre los efectos no específicos de la radiación ionizante, que podría ser muy importante para la evaluación de las consecuencias de la exposición a la radiación, especialmente en dosis bajas. En el presente estudio se evaluó el efecto de butionina sulfoximida (BSO) en células CHO expuestas a bajas dosis de radiación. Para tal efecto se llevó a cabo el análisis de aberraciones cromosómicas estructurales (ACE). Se analizaron 4 tratamientos que incluyeron: 1) control; 2) BSO en una concentración final de 5 mM; 3) una dosis de radiación X. de 100 mSv y 4) la combinación de BSO con la dosis de radiación antes mencionada (los tioles se agregaron 30 minutos antes de la irradiación). En los tratamientos 2 y 4 la (BSO) se dejó durante todo el cultivo. Los resultados revelaron la falta de un efecto radioprotector (100 mSv $8,5 \pm 0,009$ Vs. BSO $10,5 \pm 0,01$; $P < 0.5$). Los resultados obtenidos podrían explicarse a través de la capacidad de BSO de disminuir los niveles de glutatión endógeno mediante la disminución de la enzima γ -glutamylcisteina.

ANÁLISIS COMPARATIVO DEL EFECTO DE DOS DOSIS DE RADIACIÓN IONIZANTE CRÓNICA EN CULTIVOS DE CÉLULAS CHO

Ponzinibbio MV, G Padula, A Seoane. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV). Facultad de Ciencias Veterinarias (UNLP-CONICET). CC. 296. B1900 La Plata, Argentina. e-mail: giselpadula@yahoo.com.ar

Los seres vivos estamos permanentemente expuestos a las radiaciones ionizantes originadas por fuentes naturales y/o de origen antrópico. Los estudios de los efectos biológicos se centraron durante décadas en las consecuencias de exposiciones únicas a dosis altas. Las estimaciones de los efectos biológicos de las dosis bajas fueron extrapoladas de estos estudios. Resultados experimentales parecen indicar que el daño genético inducido por dosis bajas de rayos X sostenidas en el tiempo, es mayor de lo esperado. El objetivo del presente trabajo fue recrear mediante un modelo *in vitro* con células CHO, la exposición crónica a dosis bajas de rayos X y comparar la inducción de daño en el ADN con 50 y 100 mSv. Las células se irradiaron cada 24 horas, durante 10 días. El daño se analizó mediante los ensayos cometa y apoptosis después de la irradiación (día 1) y al final del experimento (día 10). Se observó un aumento del daño en el ADN y de la muerte celular, en las células irradiadas con respecto al control, tanto en el día 1 como en el día 10 para ambas dosis. Nuestros resultados indican que la dosis de 50 mSv es capaz de producir daño en el ADN a pesar de que se considera como la dosis umbral para este tipo de agente; por otra parte, solamente observamos la ocurrencia de efecto crónico con la dosis de 100 mSv. Estos hallazgos pueden ser explicados asumiendo un proceso interactivo que incluye procesos de recuperación celular y de daño y reparación del ADN, actuando conjuntamente con la inducción de inestabilidad genómica, efecto colateral y respuesta radioadaptativa.

ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN DE GENES DEL COMPLEJO TELOMÉRICO EN UN MODELO MURINO DE INDUCCIÓN TUMORAL

Paviolo NS, MB Cerliani, SM Richard, AD Bolzán. Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), C.C. 403, 1900 La Plata, Argentina.
e-mail: nataliapaviolo@gmail.com

El complejo proteico shelterina regula la estabilidad telomérica. Alteraciones en el funcionamiento de este complejo pueden llevar a inestabilidad telomérica y al desarrollo de células tumorales. Se analizó la expresión de los genes *trf2* y *pot1*, integrantes del complejo, en un modelo de melanoma murino. El objetivo fue caracterizar el patrón de expresión de los mismos en tejido tumoral de ratón. Se empleó la línea tumoral B16 de melanoma de ratón, inoculada de forma subcutánea en el flanco de ratones C57BL/6. De cada uno, se extrajeron 3 tejidos de interés: hepático, esplénico y melanoma. Se utilizaron como controles tejido de hígado, bazo y piel de ratones normales inoculados con medio D-MEM. Se emplearon hígado y bazo debido a que el perfil de expresión de *trf2* y *pot1* está disminuido en hígado y sobre-expresado en bazo. Se cuantificó la expresión de estos genes a través de qPCR, utilizando GAPDH como gen de referencia. El análisis de los datos se realizó siguiendo el método $2^{-\Delta\Delta Ct}$. Se encontró que no existe sobreexpresión de los genes *pot1a* y *trf2* en tejido de melanoma ni tampoco disminución en la expresión de los mismos en melanoma respecto a piel normal. Por otro lado, los niveles encontrados en hígado y bazo se corresponden con lo informado en la bibliografía. Estos datos demuestran que la expresión de los genes *pot1a* y *trf2* no se encuentra alterada en melanoma de ratón. Para una mejor comprensión del funcionamiento telomérico en el tejido tumoral de ratón, actualmente se está estudiando la expresión de otros integrantes del complejo shelterina, *trf1* y *tin2*.



RRGG

COMUNICACIONES LIBRES

RECURSOS GENÉTICOS

REPRESENTATIVIDAD DE UNA COLECCIÓN DE *Trichloris* POR CARACTERIZACIÓN ECOGEOGRÁFICA TERRITORIAL (ELC)

Marinoni L¹, A Bortoluzzi¹, M Parra Quijano², J Zabala¹, J Pensiero¹.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral,

²Universidad Politécnica de Madrid.

e-mail: marinonilorena@hotmail.com

Las especies de *Trichloris* son valoradas como forrajeras y por su tolerancia a sequía y salinidad. Para el manejo eficiente de los recursos fitogenéticos nativos es necesario contar con herramientas objetivas para evaluar y mejorar la representatividad de las colecciones *ex situ*. En este sentido, los mapas ELC permiten identificar sitios en el rango de adaptación de las especies donde dirigir los esfuerzos de colecta. En el presente trabajo se pretendió mejorar la representatividad de la colección del género en el banco de germoplasma de la FCA-UNL a través de un viaje de colecta diagramado a partir del análisis de un mapa ELC. Variables relacionadas a la adaptación de las especies fueron sometidas a un análisis estadístico para determinar categorías ecogeográficas. Éstas fueron asignadas a datos georreferenciados de ocurrencia del género y a las accesiones de la colección, para evaluar el ajuste a través de histogramas. Así, se identificaron categorías subrepresentadas o no representadas. Se priorizaron aquellas encontradas para *T. crinita*, ya que el análisis reveló que *T. pluriflora* se encuentra bien representada. Fueron analizados distintos índices de representatividad en función de los nuevos accesos. La colección fue mejorada al incorporar 9 accesos provenientes del límite sur de distribución del género, lo que significó un incremento del 29 % en el tamaño de la colección y de un 22,5 % en el número de categorías representadas. Actualmente se encuentran representadas en la colección de la FCA-UNL el 64 % de las categorías ecogeográficas con datos de presencia del género.

VARIACIÓN GENÉTICA ADAPTATIVA DE PROGENIE DE *Araucaria angustifolia*: SUBSIDIOS PARA SU CONSERVACIÓN

Vieira W¹, RI Duarte^{1,2}, G Schüssler^{1,2}, S Filippon^{1,2}, J Schultz, MS Reis^{1,2}.

¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Universidade Federal de Santa Catarina, ²Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos

Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina.

e-mail: w.vieiraw@gmail.com

Araucaria angustifolia (BERT.) O. Kuntze es una especie que se encuentra entre Brasil y Argentina, corriendo el riesgo de ser extinta en la actualidad. De este modo, estudios que buscan caracterizar su variación genética en los remanentes de poblaciones son necesarios para proponer acciones de conservación y/o uso de la especie. El objetivo de este estudio fue el de caracterizar la variabilidad de progenies de *A. angustifolia* por medio de las características de su desarrollo inicial. El estudio fue realizado en la Floresta Nacional de Tres Barras – SC, utilizando 27 matrices que procedían del Municipio de Painel – SC. Después de 7 años de la implementación del experimento fueron medidas las características de la altura de los individuos, el Diámetro a la Altura del Pecho (DAP) y la sobrevivencia. Los datos fueron sometidos a un análisis de varianza buscando estimar la heredabilidad en el sentido amplio (h^2). Los valores medios y de h^2 encontrados fueron, respectivamente: para la altura 3,56 m y 23,98 % (CV= 11,66 %), para la sobrevivencia 80,7 % y 21,52 % (CV= 1614 %) y para el DAP 4,56 cm y 25,21 % (CV= 14,12 %). Los coeficientes de heredabilidad indicaron una variación genética media alta para las características evaluadas. Estos resultados contribuyen para el entendimiento de la variación genética adaptativa y para la propuesta y desarrollo de estrategias de conservación de los recursos genéticos de *Araucaria angustifolia*. Financiamiento: CNPq, CAPES e FAPESC.

DINÁMICA DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Araucaria angustifolia* (BERTOL.) KUNTZE EN PAISAJE DE CAMPO

Cristofolini C¹, AG Nazareno¹, G Altrak¹, G Schussler¹, F Steiner¹, AA Zechini¹, GF Paludo¹, A Mantovani², MS Reis¹. ¹Núcleo de Investigación en Bosques Tropicales, Universidad Federal de Santa Catarina-Brasil, ²Universidad del Estado de Santa Catarina-Brasil.
e-mail: carol.cristofolini@gmail.com

A lo largo de la meseta, en la región sur de Brasil, es frecuente la presencia de manchas forestales en medio de una matriz campestre, los capões que son formados por pequeños agregados de vegetación arbórea/arbustiva, hasta grandes fragmentos con presencia de *A. angustifolia*. Con el objetivo de entender la dinámica de la diversidad genética de *A. angustifolia*, en este importante y amenazado paisaje, fueron realizados estudios en una población con diferentes generaciones (progenies, plántulas, jóvenes, adultos) abordando el sistema reproductivo, endogamia y divergencia genética. El muestreo fue realizado en una parcela de 9 ha en paisaje de campo con presencia de capões en la región de la Coxilla Rica (Lages, SC-Brasil). Los individuos fueron genotipados empleando ocho locus SSR. Fueron encontrados 87 alelos (486 individuos), alelos nulos en 3 locus y alelos exclusivos en todas las generaciones. La heterocigocidad media esperada (H_e) fue 0,59 y la heterocigocidad media observada fue 0,53. El valor de FIS fue bajo, indicando ausencia de endogamia en las generaciones. FST (entre las generaciones -0,006) fue bajo, indicando que no hay divergencia entre las generaciones. La tasa de cruzamiento multilocus ($t_m = 1$) y unilocus ($t_s = 0,966$), indicó que no existe cruzamiento entre aparentados. Los resultados para paisaje fueron diferentes de los encontrados en la mayoría de los estudios en el bosque continuo y en fragmentos forestales, la polinización es facilitada posiblemente por la abertura entre los capões, ocasionando flujo génico suficiente para mantener la diversidad genética

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE POMELO PARANÁ MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES

Lezcano CC¹, JO Gieco², CM Anderson³, BI Canteros¹. ¹EEA INTA Bella Vista, CC5, 3432, Bella Vista, Corrientes, Argentina, ²EEA INTA Manfredi, CP 5988, Manfredi, Córdoba, Argentina, ³EEA INTA Concordia, CC34, 3200, Concordia, E. Ríos, Argentina.
e-mail: cclezcano@correo.inta.gov.ar

El pomelo Paraná (ex Dalan Dan) *Citrus x paradisi* es considerado un híbrido natural originario de Asia. Este material requiere describirse molecularmente para su inscripción en los organismos correspondientes y asimismo contribuir al conocimiento de la variabilidad genética como punto de partida para el diseño y desarrollo de programas de mejora productiva. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad genética del pomelo Paraná de lotes implantados en la EEA INTA Bella Vista, Ctes. por medio de marcadores moleculares RAPD. Se analizaron muestras de material implantado en 2003 y material clonal en 2010. De cada individuo se seleccionaron hojas jóvenes y se extrajo el ADN total mediante extracción con CTAB. Se realizaron amplificaciones utilizando 4 cebadores arbitrarios (OPAT14, OPB07, OPH15 Y OPI11) seleccionados previamente. A partir de los datos obtenidos se construyeron matrices de presencia/ausencia las cuales fueron analizadas mediante el programa GenAlEx 6.5. El NTB y el NBE en las dos poblaciones fueron reducidos. El PLP y la H_e fueron menores en el lote con material clonal (PLP 68,75 %; H_e 0,29) respecto del lote implantado en 2003 (PLP 87,50 %; H_e 0,31). El ANOVA revela un mayor porcentaje de variación dentro de las poblaciones (87 %) que entre ellas (13 %). De acuerdo a los resultados obtenidos en el presente trabajo se sugiere la utilización de marcadores moleculares del tipo microsatélite o SSR para futuras investigaciones por tener mayor potencial para detectar polimorfismos.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE ZAPALLOS CRIOLLOS (*Cucurbita maxima*) COLECTADOS EN LOS VALLES ANDINOS DE ARGENTINA

Lorello IM¹, SC García Lampasona², IE Peralta³. ¹INTA-FCA (UNCuyo). EEA La Consulta, ex ruta 40 km 96. La Consulta, San Carlos (5567) CC 8. Mendoza, Argentina, ²INTA-IBAM (CONICET)-FCA (UNCuyo). FCA, Alte. Brown 500 Chacras de Coria (M5528AHB), Mendoza, Argentina, ³IADIZA CCT (CONICET)-FCA (UNCuyo). FCA, Alte. Brown 500 Chacras de Coria (M5528AHB), Mendoza, Argentina.
e-mail: ilorello@laconsulta.inta.gov.ar

Conocer la diversidad de los recursos genéticos es fundamental para su conservación en los bancos de germoplasma y su utilización en mejoramiento. Con el objetivo de evaluar la diversidad genética de 27 poblaciones criollas de *Cucurbita maxima* Duch., colectadas en los valles andinos de la Argentina (2005) y conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA La Consulta INTA, se emplearon siete marcadores microsatélites, seleccionados de otras especies de Cucurbitáceas. Los fragmentos se detectaron y seleccionaron con un analizador genético de capilares y los datos fueron evaluados por métodos multivariados. Se obtuvieron 26 alelos con 310 alelos promedio por *locus*. La diversidad genética alcanzó un promedio de 0,26, la heterocigosis observada fue de 0,17, la esperada de 0,23 y el porcentaje de *loci* polimórficos de 45,5 %, siendo el 82 % de la variabilidad intrapoblacional. No se encontró correlación lineal entre la diversidad observada y la distribución geográfica poblacional, y tampoco una clara asociación entre marcadores moleculares y morfológicos. Se establecieron 4 grupos según caracteres de fruto, consumo y diversidad genética. A pesar del alto grado de alogamia de *C. maxima* se observa una menor diversidad genética entre poblaciones que podría explicarse por procesos antrópicos y ambientales, fundamentalmente deriva génica y domesticación a partir de una o muy pocas poblaciones de *C. andreana*. Once poblaciones manifestaron índices superiores de diversidad genética, resultando de interés para generar colecciones núcleo y ampliar la base genética de esta especie.

ANÁLISIS DE FRECUENCIAS ALÉLICAS EN POROTOS SILVESTRES DEL NOA EMPLEANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Ferreira M¹, M Aparicio^{1,2}, M Menéndez Sevillano¹, D Cuellar¹, M Molas¹, L Ibarra¹, M Galván^{1,2}. ¹INTA EEA Salta, ²CONICET.
e-mail: mzgalvan@correo.inta.gov.ar

La forma silvestre del poroto común (*Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*) crece en los valles húmedos de la región del NOA. Muchas poblaciones se encuentran amenazadas debido a la restricción progresiva de su hábitat a zonas marginales por el avance de la deforestación y las zonas de cultivo. En este trabajo se estudió la variabilidad genética de 6 entradas de porotos silvestres del Banco de germoplasma del NOA recolectadas en diferentes sitios cercanos y alejados de las zonas de cultivo, con el objeto de analizar su variabilidad empleando marcadores microsatélites. Se analizaron 10 individuos por población. Con el ADN extraído a partir de plántulas se realizaron ampliificaciones mediante PCR empleando 4 primers microsatélites. Los fragmentos amplificados se separaron en geles de poliacrilamida 10 % y se tiñeron con GelRedTM. Con los patrones de bandas obtenidos se generó una matriz y se analizaron las frecuencias alélicas por marcador. Para el análisis de los datos se compararon las frecuencias alélicas entre las poblaciones y se agregaron al análisis los patrones de bandas de diferentes variedades comerciales de porotos andinos y mesoamericanos. Los resultados sugieren que para algunos marcadores existe correlación entre la frecuencia alélica y la cercanía a los cultivos.

EVALUACIÓN DE MARCADORES SSR EN POBLACIONES CULTIVADAS DE *Ilex paraguariensis* ST.-HIL

Talavera Stéfani LN^{1,2}, JV Fay^{1,2}, CB Percuoco^{1,3}, V Maslof⁴, C Rojas⁵, M Miretti¹, JC Seijo⁶, CF Argüelles¹. ¹Laboratorio GIGA-Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas (UNAM-CONICET), ²Becaria Tipo I CONICET, ³Becaria Tipo II CONICET, ⁴Cooperativa Colonias Unidas-Obligado-Paraguay, ⁵Biología Molecular y Genética. UNILA Foz de Iguazu (PR-Brasil), ⁶IBONE, FACENA-UNNE, CONICET. e-mail: li_talavera@hotmail.com

La yerba mate, *Ilex paraguariensis* St.-Hil, especie endémica del continente americano es utilizada ampliamente en la elaboración de diferentes productos, principalmente bebidas estimulantes. Aunque reviste gran importancia socioeconómica para Argentina, Brasil y Paraguay, son escasos los análisis genéticos de poblaciones cultivadas y naturales. Considerando la importancia de la caracterización de las poblaciones para un manejo adecuado de los recursos genéticos, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el uso de marcadores microsatélites en la caracterización de la variabilidad genética contenida dentro y entre poblaciones de yerba mate. Para ello, se probaron nueve de veinticinco pares de primers recientemente publicados para la especie. La optimización de los microsatélites se realizó en muestras de individuos pertenecientes a poblaciones cultivadas en el departamento de Itapúa-Paraguay y Aristóbulo del Valle-Argentina. Se obtuvieron productos de amplificación para los nueve pares de primers, y las variantes exhibidas estuvieron dentro del rango esperado (100-450 pb), similar a lo observado en poblaciones naturales de Brasil. Ninguno de los microsatélites ensayados mostró perfil monomórfico para las dos poblaciones analizadas, lo que confirma el valor de estos nueve microsatélites seleccionados para la caracterización de poblaciones naturales y cultivadas de la especie.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN CERRADA DE CABALLOS APPALOOSA DE ARGENTINA

Corbi Botto CM, SA Sadaba, El Francisco, PB Kalemkerian, G Giovambattista, P Peral Garcia, S Diaz. IGEVET. e-mail: ccorbi@fev.unlp.edu.ar

La caracterización de un recurso zoogenético es crucial en pos de su conservación, identificación y aprovechamiento productivo. El objetivo de este trabajo fue estimar los niveles de variabilidad genética de la población de caballos Appaloosa de la Reserva Ecológica "Los Albores" para evaluar el grado de consanguinidad producto del sistema de cría empleado en la población. Se analizaron ocho marcadores genéticos altamente polimórficos, de tipo microsatélite: AHT4, AHT5, ASB2, HMS3, HMS6, HTG4, HTG10 y VHL20. Las técnicas utilizadas fueron: extracción de ADN genómico a partir de sangre entera total mediante DNAzol®, PCR-multiplex y secuenciación automatizada. De acuerdo a los parámetros estadísticos calculados en la muestra (N= 72), no se evidencia un aumento significativo de individuos homocigotas ($FIS \sim 0$) y la variabilidad genética es elevada ($He = 0,745$), por lo que la población analizada se encuentra en la porción medio-superior de la distribución de diversidad esperada en equinos. Los loci AHT5, ASB2, HTG10 y VHL20 se encuentran en desequilibrio de Hardy-Weinberg (p -valor $> 0,05$). La comparación de las características genéticas con otras razas mostró valores significativos de diferenciación genética. Se concluye que este grupo de animales a pesar del sistema de cría empleado, conserva su variabilidad genética y, dadas sus características particulares representa un recurso equino genético valioso en términos de conservación.

LISTADO DE AUTORES

Abba MC	GME 19	Arberas C	CH 13 GME 22
Abbate PE	GMV 7 GMV 8	Ardila F	GMA 8
Abdala ME	GME 20	Argibay PF	EPG 3 EPG 4
Abelleyro MM	GGM 24	Argüelles C	CH 9 GPE 4 GPE 16
Acosta E	GPE 21		RRGG 7
Acosta KB	GGM 19 GGM 20 GGM 21	Arias M	GGM 3
Acuña C	GGM 8	Ariza Botero MF	GMA 7
Acuña CA	GMV 28 GMV 29 GMV 30	Armando R	GME 22
	GMV 37 GMV 38	Arroyo M	CH 5
Acuña FN	CA 4	Artero F	GMV 33
Acuña M	GMV 19 GMV 32	Asad A	GGM 26
Adamo N	GMV 23	Aszpis S	CH 5
Advínculo SA	GMA 1	Aulicino MB	GMV 52
Affinito A	GMV 25	Ávila S	GME 21 GME 24 GME 25
Aguirrezábal L	GMV 54	Azpilicueta MM	GPE 10
Alba L	GME 3	Baeza MC	GMA 3
Albanesi G	GMA 8	Baialardo E	CH 4
Alberio C	GMV 54	Bailliet G	GGM 18
Alejo G	MCTA 3	Balatti PA	GMV 52
Alfaro EL	GGM 18	Baldo D	CA 7
Allocati JP	GMV 47	Balzarini M	GBIO 7 GMV 45
Almada A	GMA 3	Barbarich J	MCTA 3
Almazan P	GME 24	Barbaro E	GME 24 GME 25
Alonso SI	CV 10	Barboza GE	CV 1
Alterman L	GGM 23 GME 10	Barengo MP	GBIO 5
Altieri E	GMV 52	Barneix AJ	GMV 12
Altrak G	RRGG 3	Baroli I	GMV 13 GMV 46
Alvarez AE	GGM 2	Barrandeguy ME	GGM 9 GPE 11 GPE 12
Álvarez D	GMV 56		GPE 13 GPE 14
Alvarez I	GMA 16	Barrera AD	GGM 11
Alvarez MA	GMV 5	Barrientos LS	GGM 17
Alvarez Sanguedolce ASA	GME 1	Barth S	GGM 1
Amadio AF	GMA 5 GMA 9 GMA 14	Bartoli A	CV 8
	GMA 15 GMA 16	Basile SML	GMV 10
Amerio NS	GBIO 3	Batista AT	GME 7
Anderson CM	RRGG 4	Battle AMC	FG 1 GME 15
Andrada AR	CA 3 CV 2	Bauk K	CV 7
Andrade A	GGM 10	Bedogni MC	GMV 66 GMV 67
Andrés A	GMV 19 GMV 20 GMV 25	Bedoya C	GMA 7
	GMV 27	Beliera MD	GMV 27
Anello M	GPE 6	Beltramo J	GGM 18
Antelo TA	GME 20	Beltrán VM	GMV 31
Antonini AG	GEDU 5	Benedettini D	GMI 2
Aparicio G	GMI 3	Beribe MJ	GMA 9 GMA 15 GMA 16
Aparicio M	GMI 2 RRGG 6	Bernardello G	CV 8
Appendino ML	GMV 5	Bernardi CN	GMV 49 GMV 50

Berruezo L	GMI 4	Camadro EL	CV 10
Bertani R	GMV 2	Cambiaso V	GMV 64
Beznec A	GMV 13 GMV 14 GMV 46	Campagnaro BP	GME 7
Bezus R	GMV 17	Campaña H	GME 4 GME 6 GME 8
Bianchi D	GMV 34	Candela M	GGM 24
Bianco Sadir G	MCTA 3 MCTA 4	Canet ZE	GMA 1
Bich GA	GBIO 2 GBIO 4 GBIO 5	Cano EM	GMA 14
Blanco Viera FJ	GMA 19	Cantamutto MA	GPE 19 GPE 20 GPE 21
Blumwald E	GMV 13 GMV 46		GPE 22
Bobadilla N	MCTA 1	Canteros BI	RRGG 4
Bodega JL	GMV 41	Capezio S	GMV 66GMV 67
Bogado N	GMV 53	Cara N	EPG 6
Bolkovic ML	GPE 5	Carabajal Paladino LZ	CA 1 CA 2
Bolzán AD	MCTA 7	Cardetti M	CH 1
Bonamico NC	GMV 43GMV 44	Cardone S	GMV 57
Bonasora MG	GMV 35	Cardozo AE	GPE 16
Bonell ML	GMV 16	Cardozo JA	GMV 10
Bonillo M	MCTA 4	Carena G	GEDU 8 GMV 22
Bonnecarrere V	GMV 53	Carignano HA	GMA 9 GMA 15 GMA 16
Borelli VS	GMA 10	Carino MH	GGM 16 GPE 23
Bortoluzzi A	RRGG 1	Carnovale C	GGM 26
Bossio E	GMV 13 GMV 14 GMV 46	Caro MS	CV 19
Boudet RV	GME 9	Caro P	GME 25
Boywitt A	CH 13	Caro S	CA 6
Bravi CM	GGM 18	Carrera A	GEDU 8
Brea MS	GME 14	Carrera L	GEDU 1
Brezigar A	CH 1	Carreres C	GGM 26
Briguglio M	GMV 51 GMV 59	Carrero Valenzuela RD	GME 1 GME 20
Brizuela Sanchez MB	CH 9	Carri NG	EPG 1 EPG 2
Brizuela VE	GMV 15	Casali B	CH 13
Brugnoli EA	GMV 28 GMV 29 GMV 30	Cassini MH	GPE 5
	GMV 38	Castagnaro AP	GGM 3 GMV 2 GMV 53
Bruno C	GBIO 7	Castañeira M	GEDU 1
Bruque CD	GME 3	Castaño F	GMV 55
Bugallo V	GMV 57	Castillo E	CV 11 CV 12 GEDU 8
Burrell MM	GMV 10		GMV 21 GMV 22 GMV 23
Buseti MR	GMA 2		GMV 24GMV 33
Buteler MI	GMV 69	Castillo ER	CA 4 CA 5
Buzaleh AM	FG 1	Castillo J	GMV 48
Buzzalino N	GME 3	Castillo NS	GPE 23
Byrne MS	GPE 5	Castillo V	GMV 3
Cabodevila VG	GMV 62	Castrillo ML	GBIO 2 GBIO 3 GBIO 4
Cacchiarelli P	GMV 62		GBIO 5 GBIO 6 GMI 6
Caeiro P	GME 17		GMI 7
Caetano LG	CA 9	Castro AM	GMV 11
Caffaro ME	GMA 12 GMA 16	Castro S	GMA 7
Cagnotti C	CA 1	Castro Torres H	GMV 70
Calafat M	GGM 10	Catanesi CI	GPE 3
Calderón AE	CH 8	Cattaneo AC	GEDU 5
Calonga Solís V	GPE 14	Cattoni MI	GMV 27
Calvinho LF	GMA 5	Cavicchia JC	CA 8
Camacho B	GMA 18	Cendoya G	GMV 55

Centrón D	GMI 1			De Biasio MB	GMA 6
Cerbino GN	GME 15			De Brasi CD	GGM 24
Cerliani MB	MCTA 7			De Brito A	GMV 61
Cerretini R	GGM 23 GME 10			de Haro L	GPE 24
Chaig MR	GME 9			De la Calle V	GMV 71
Chaig RV	GME 9			De la Fuente SG	CH 3 CH 7
Chalup L	CV 16			De la Puente T	MCTA 4
Chari V	GGM 26			De Luca JC	MCTA 4 MCTA 5
Chaves A	CH 12			De Lucía A	GMV 53
Chiapella J	CV 9			Deanna R	CV 1
Chocobar A	GMI 2 GMI 3 GMI 4			Debenedetti S	GMA 14
Chocobar M	GMI 2			Décima Oneto C	GMV 13 GMV 46
Cingolani DR	GMV 64			Defacio RA	GMV 39 GMV 40
Cisneros M	GMV 69			Del Cantare F	GMV 24
Cladera JL	CA 1 CA 2 GMA 18			del Rey G	CH 13
	GMI 5			Delea M	GME 3
Cocah C	GME 3			Delgado S	GMV 55
Cogliatti M	GMV 18			Della Vedova C	CH 1
Collavino NG	GMV 1 GMV 3			Della Vedova MC	CH 6 GEDU 3 GEDU 4
Colombo FP	GME 15				GME 12
Colombo N	GMV 63			Deperi SI	GMV 67
Comas B	GME 16			Di Masso RJ	GEDU 6 GMA 1
Comerio R	GMV 14			Di Renzo MA	GMV 43 GMV 44 GMV 45
Conte C	GMI 5			Di Rocco F	GGM 12 GGM 13 GPE 6
Copioli JC	GME 9			di Santo H	CV 11 CV 12 GEDU 8
Corbi Botto CM	GGM 16 RRG 8				GMV 21 GMV 22 GMV 23
Cordes D	GMV 56				GMV 24 GMV 33
Córdoba EE	GME 19			Dias AL	CA 9
Coria MS	GGM 11			Díaz GV	GBIO 1 GBIO 2 GBIO 5
Correa CM	GME 1			Díaz Paleo A	GMV 13 GMV 14
Cortizo L	GMV 18			Díaz S	GGM 16 GGM 17 RRG 8
Corva PM	GGM 14 GMA 3			Dieguez MJ	GMV 4
Cosentino VR	GME 16			Dipierri JE	GGM 18
Costero I	GMV 69			Doche LM	GME 7
Coviella MA	GMV 57			Dode M	CA 3 CA 6
Crespi JA	GGM 17			Dottavio AM	GEDU 6 GMA 1
Crisci JV	GPE 16			Doucet ME	GPE 7
Cristofolini C	GPE 15 RRG 3			Drut M	CH 1
Cruz G	MCTA 4			Duarte PF	EPG 7
Cruz Gaitán AM	EPG 1 EPG 2			Duarte RI	RRGG 2
Cuellar D	RRGG 6			Dubcovsky J	GMV 5
Cuello de Marchese M	GME 18			Dus Santos MJ	GMA 8
Cuenya MI	GMV 2			Dvoráková L	GME 1
D'Hont A	GMV 2			Echazú F	GMA 19
Dahrull J	GME 17			Echeverría MI	CH 8 GME 11
Dain L	GME 3			Echeverría MM	CV 10
Dalla Valle H	GMV 10			El Mujtar V	GPE 10
Darino MA	GMV 4			Elisei A	GMA 19
Daverio MS	GGM 12 GGM 13 GPE 6			Elustondo L	GMV 25
Dávila S	CH 7 GME 18			Epplen JT	GME 20
Daviña JR	CV 15 CV 17 CV 18			Ermini JL	GMV 58
De Bellis R	CH 13			Eskiviski E	GGM 1

Espinoza F	GMV 36	Galmarini CR	GMV 63
Estigarribia E	CH 11	Galván M	GMI 2 GMI 3 GMI 4
Eyherabide GA	GMV 51		GMV 68 RRGG 6
Faccio P	GMV 13 GMV 14 GMV 46	Garay R	GMV 71
Facciuto G	GMV 57	García Lampasona SC	RRGG 5
Falco R	GMV 44	García MG	GMV 53
Faustinelli PC	GMV 69	García MV	GGM 9 GPE 11 GPE 12
Fay JV	RRGG 7		GPE 13 GPE 14
Fekete A	GMV 68	García N	GMA 7
Felgueras S	GMV 34	Gardenal CN	GPE 7
Fenocchio A	CA 9 CA 10 CH 9	Gasca F	GMI 2
Fernández CS	GME 3	Gautier M	GGM 23 GME 10
Fernández DR	MCTA 1	Gázquez A	GMV 17
Fernández JP	EPG 1 EPG 2	Gerding WM	GME 20
Fernández de Bon L	GME 24 GPE 24	Gerez de Burgos NM	GME 9
Fernández M	CH 5	Ghione CE	GMV 49 GMV 50 GMV 53
Fernández MC	CH 13 GME 22	Giardini MC	CA 2
Fernández ME	GPE 23	Giardinieri Carlen NCH	CV 20
Fernández S	CH 10 CH 11	Giavedoni JA	GMV 26
Fernández V	MCTA 1	Gieco JO	RRGG 4
Ferrand L	GMV 42	Gigli I	GMA 2 GMA 11
Ferrari Usandizaga SC	GMV 28 GMV 29 GMV 30	Gili JA	GME 6 GME 16
Ferreira A	CV 11 CV 12 GEDU 8	Gilli JR	GMV 49 GMV 50 GMV 53
	GMV 21 GMV 22 GMV 23	Giménez CA	EPG 3
	GMV 24 GMV 33	Gimenez LG	GME 16
Ferreira V	CV 11 CV 12 GEDU 8	Giorgio EM	GBIO 1
	GMV 21 GMV 22 GMV 23	Giovambattista G	GGM 15 GGM 17 GMA 4
	GMV 24 GMV 33		GPE 23 RRGG 8
Ferrer ME	GMV 39 GMV 40	Glesmann LA	GPE 3
Ferrer MS	GPE 17	Godoy C	GMV 59 GMV 60
Ferreyra M	RRGG 6		GMV 61
Fesser E	GGM 26	Gómez FH	GPE 1
Filippi CV	GMV 56	Gómez J	GMV 70
Filippi SG	CA 7	Gómez MC	GMA 8 GMV 31
Filippon S	RRGG 2	Goncalves AL	GGM 9
Filippone MP	GGM 3	Gonza N	GGM 22
Filipuzzi SD	GME 12	Gonzales V	GMV 69
Fioravantti N	GMV 32	González AC	GMV 70
Fissore GD	GMV 9	González E	MCTA 3
Fissore M	GMV 43	González EA	GBIO 4 GBIO 5 GMI 6
Fonseca MI	GBIO 1 GBIO 3 GBIO 4		GMI 7
	GMI 6 GMI 7	González GE	CV 13 CV 14
Fornés L	GGM 1	González II	GEDU 3 GEDU 4 GME 12
Fourastié MF	CV 13		GME 13
Franceschini L	GMV 69	González ML	CV 9
Francisco El	RRGG 8	González NL	GPE 16
Franco de Diana D	MCTA 1	Goszczynski DE	GGM 15 GMA 4
Fúrfuro S	GME 11	Granados P	CH 5
Gadow EG	GME 16	Granata BX	GME 15
Gaido A	GMA 12	Grassi E	CV 11 CV 12 GEDU 8
Galella T	GMV 54		GMV 21 GMV 22 GMV 23
Gallo LA	GPE 10		GMV 24 GMV 33

Gray L	GMV 1	Laudicina A	CH 3	CH 7	CH 13
Greizerstein EJ	CV 5 CV 6	Lauría JP	CA 1		
Grunberg K	GMV 20	Lavandera J	FG 1	GMV 32	
Güerci AM	GME 19	Lavia GI	CV 4		
Guillamondegui MJ	CH 1	Lavore A	GGM 4	GGM 5	GGM 25
Guo BL	GPE 23		GGM 26		
Gürtler RE	GPE 8	Lax P	GPE 7		
Gutierrez A	GPE 20	Leal Gutiérrez JD	GMA 7		
Gutiérrez AV	GMV 3	Ledesma M	GMA 17		
Gutierrez G	GMA 16	Lencina F	GGM 6		
Gutiérrez L	CH 9	Leofanti GA	CV 10		
Hasenauer FC	GMA 12	Levalle O	CH 5		
Hassel DL	GPE 4	Levrero L	CH 12		
Heinz RA	GMV 56	Lewi D	GMV 46	GMV 71	
Helguera M	GMV 6 GMV 9	Lewis SM	GMV 5	GMV 12	
Hennig HH	GMA 17	Lezcano CC	RRGG 4		
Herreros M	CH 10	Lia VV	GMV 56		
Hidalgo MIM	CV 5	Librera JE	GMA 1		
Honfi AI	CV 15 CV 17 CV 18	Lirón JP	GPE 23		
	CV 20 GMV 35	Livore AB	GMV 16		
Hopp HE	GMV 56 GPE 24	Llanes MS	GGM 26	GMV 39	GMV 40
Huarte MA	GMV 66 GMV 67	Llorente B	GMV 13		
Iacoboni PA	GMA 12	Locarno L	GME 11		
Ibañez MA	GMV 43 GMV 45	Lombardo LA	GMV 6	GMV 9	
Ibarra L	RRGG 6	López Camelo JS	GME 4	GME 6	GME 8
Ingala LR	GMV 4		GME 16		
Iriarte L	GMV 48	López CG	CV 6		
Irigoyen MF	GMV 51	López D	MCTA 1		
Ispizúa V	GMV 59	Lopez Isasmendi G	GGM 2		
It V	GGM 17	Lopez Larraza DM	MCTA 5		
Izquierdo NG	GMV 54	Lopez MV	GMV 4		
Jablonski P	GGM 23 GME 10	López SN	CA 1		
Jacquet AR	GMA 10	López Vargas J	GMA 7		
Jara LR	GMA 6	Lorello IM	RRGG 5		
Jastrzebski FA	GMA 6	Lorenzati MA	GME 2		
Jiménez A	GMA 7	Lorenzini Campos MN	GGM 20		
Jiménez Robayo LM	GMA 7	Lorenzo YE	GGM 13		
Johnson WE	GGM 13	Löwenstein E	GMV 31		
Jurado LS	GGM 18	Luccerini V	GME 3		
Kade M	GMV 12	Lucero RO	GME 13		
Kalemkerian PB	RRGG 8	Luciani MD	GMV 65		
Kallenberg F	GMV 10	Luque C	GGM 3		
Klabunde GHF	GGM 7	Lúquez JE	GMV 41	GMV 48	GMV 51
Kobayashi K	GGM 6		GMV 60		
Kötting J	GME 20	Machado Assefh CR	GGM 2		
Krupitzki HB	GME 16	Maciel M	GMV 19	GMV 20	
Lacunza E	GME 19	Maciel MG	GMA 13		
Lagrava W	GME 22	Magnago NM	GMV 49	GMV 50	
Landau AM	GGM 6 GMV 15	Maiale S	GMV 17		
Lanzavecchia S	GMA 18 GMI 5	Maidana J	GEDU 7		
Larripa IB	GGM 24	Maizon DO	GMA 2	GMA 11	
Las Peñas ML	CV 7 CV 8	Maldonado L	GMI 5		

Mampel A	CH 8	GME 11	Meyrelles SS	GME 7
Mannino M	GMI 5		Mezzadra CA	GGM 14 GMA 4 GMA 13
Manrique Perdomo C	GMA 7		Miceli DC	GGM 11
Manso FC	CA 2		Milano MA	GEDU 7
Mantovani A	GPE 15	RRGG 3	Milla F	GMV 47
Marano MR	GGM 3		Milla FM	CA 2
Marcelino F	GMV 53		Miquel MC	GGM 14
Marcellán O	GMV 59	GMV 60 GMV 61	Mirabella NE	GMV 8
Marchelli P	GPE 10		Miretti M	GMA 15 GMA 16 RRGG 7
Marchione VD	GGM 24		Mola Moringa NS	GPE 18
Marcucci S	GGM 8		Molas M	RRGG 6
Marfil CF	EPG 6	EPG 7 GPE 17	Molas ML	GGM 10
Marino M	GME 11		Mondino M	GMV 48
Marinoni L	RRGG 1		Mondon A	GPE 19
Mariotti JA	GMV 1	GMV 3	Monjagata N	CH 10 CH 11
Markariani R	GEDU 1		Montagna T	GPE 9 GPE 15
Marks MP	GGM 19	GGM 21	Montes C	CH 12 GME 17
Marrube G	GGM 14		Monteverde E	GMV 35
Marsá S	CH 1	CH 6 GEDU 3	Montoya D	GGM 23
	GEDU 4		Moreno EMS	GPE 18
Martí DA	CA 4	CA 5	Moreno MV	GMV 56
Martines A	GMA 1		Moreno N	CV 8
Martínez A	GMA 18	GMV 15	Moreno Ruiz Holgado M	CA 6
Martínez CN	GMI 6	GMI 7	Morgan PE	GME 14
Martínez EJ	CV 20	GMV 28 GMV 29	Motter MM	GGM 14
	GMV 30	GMV 37 GMV 38	Motti JMB	GGM 18
Martínez M	MCTA 1		Mougabure Cueto G	GGM 5
Martínez MC	GPE 24		Mucci S	GMI 1
Martínez S	CH 6		Mudry MD	GPE 4
Martínez Taibo C	CH 3	CH 7	Muiño JC	GME 9
Martino DL	GMV 7		Muntaabski I	GMA 18
Maslof V	RRGG 7		Muntaner MC	GME 25
Masuelli RW	EPG 5	EPG 6 EPG 7	Murgio M	GMV 49
	GPE 17		Murray JC	GME 16
Mazo TM	GPE 11		Musso L	GMV 26
Mazzuca A	GEDU 2		Muzzio M	GGM 18
Medina NM	GME 15		Nagelberg A	CH 5
Medvedeff MG	GBIO 2		Nallar M	GGM 22
Meichtry MB	GMV 16		Nani JP	GMA 5 GMA 9
Melito V	FG 1		Nardelli M	GMI 1
Melnichuk A	CH 9		Navarro I	GME 21 GME 24
Melucci LM	GGM 14	GMA 4 GPE 23	Nazareno AG	RRGG 3
Menazzi S	GME 23		Neumann RD	GMA 12
Mendoza GV	GEDU 3	GEDU 4 GME 13	Nieves M	GPE 4
Menduni F	GMV 69		Nisi MM	GMV 6 GMV 9
Menéndez Sevillano M	RRGG 6		Nodari RO	GGM 7
Menezes TN	GME 7		Norrman GA	CV 5
Menone ML	MCTA 2		Norry FM	GPE 1 GPE 2
Mercado Cárdenas G	GMI 2	GMI 3 GMI 4	Nosedá P	GMV 71
Mercado G	CH 5	GME 23	Novo PE	GMV 36
Mercado MG	GME 5		Nuñez L	GGM 23
Merke J	GMA 18		Ojeda M	MCTA 3

Ojeda MS	GME 12 GME 13	Perera MF	GMV 2
Olea I	GPE 24	Pereyra Bonnet F	EPG 3
Olkoski D	GGM 7	Pereyra Iraola M	GMV 48
Ons S	GGM 5	Pereyra MO	CA 7
Orce IG	GGM 3	Pérez Aguirreburualde MS	GMA 8
Ortega F	GGM 16	Pérez DJ	MCTA 2
Ortego J	GMV 66	Pérez NG	GME 14
Ortiz AM	CV 4	Pérez-Orco OA	GGM 26
Ortiz ME	GMV 44	Pergolesi MF	GMV 4
Ortiz Y	GMA 7	Perovich RA	GMV 39 GMV 40
Ostengo S	GMV 2	Petry VS	GGM 7
Otálora JM	GGM 7	Petterson ME	GMA 17 GMV 15
Otegui MB	GBIO 6	Pibernus JL	GME 23
Oviedo A	GME 18	Picardi LA	GMV 64 GMV 65
Oyarzabal MI	GMA 20	Piccinali RV	GPE 8
Paccapelo H	GMV 33	Piccione M	GGM 26
Pacheco MG	GGM 6 GMA 17 GMV 15	Pimper L	GMI 5
Padula G	MCTA 6	Pinilla Y	GMA 7
Paez VA	CV 2	Pino MS	GMA 6
Pagano EM	GMV 31	Pinto GB	GMA 19 GMA 11
Palacio MA	GMA 18	Piparola G	GMA 8
Palacios N	GGM 26 GMV 32	Pistorale S	GMV 19
Palavecino Nicotra MA	GEDU 3 GEDU 4	Pittana Hengen C	GEDU 9
Paludo GF	RRGG 3	Plaza de Rivero M	GGM 22
Pandolfo C	GPE 22	Ploper LD	GMV 53
Paniego NB	GMV 56	Poggio L	CV 11 CV 12 CV 13
Pannunzio MJ	GMV 57		CV 14
Panseri AF	GPE 18	Poletta FA	GME 16
Pantuso F	GMV 34	Poli MA	GMA 5 GMA 9 GMA 12
Pantuso FS	GEDU 7		GMA 14 GMA 15 GMA 16
Papa JC	GPE 24	Pomponio MF	GGM 8
Papaleo Mazzucco J	GGM 14 GMA 4	Pompozzi L	GME 23
Pardo EM	GMV 53	Ponce Zaldúa ME	GME 21 GME 24 GME 25
Parera VE	FG 1 GME 15	Pontaroli AC	GMV 7 GMV 8
Parmeciano Di Noto G	GMI 1	Ponzinibbio MV	GEDU 5 MCTA 6
Parra Quijano M	RRGG 1	Porta NG	GMA 11 GMA 19
Pascual A	GGM 4	Porto ML	GME 7
Paviolo NS	MCTA 7	Posik DM	GGM 15 GGM 17
Pawluk MS	GME 4 GME 6 GME 8	Poverene M	GPE 19 GPE 20 GPE 22
Payo GE	GMV 70	Pratta GR	GMV 58 GMV 62 GMV 64
Paz RC	EPG 5	Presotto A	GPE 21
Pedranzani H	GMV 47	Preussler C	GMA 17
Pedrazzini E	CH 4	Prina A	GGM 6 GMV 15
Pellegrini ML	EPG 4	Pulido V	GMV 47
Pensiero J	RRGG 1	Pulido VB	GEDU 7
Pentreath V	GGM 8	Quarin CL	CV 20 GMV 36 GMV 37
Peral Garcia P	GGM 16 GGM 17 GPE 23	Quintana RD	GPE 5
	RRGG 8	Quinteros H	MCTA 4
Peralta IE	RRGG 5	Quiquinto J	MCTA 3
Percuoco CB	GPE 16 RRGG 7	Quiroga C	GMI 1
Pereira da Costa JH	GMV 64 GMV 65	Quiróz F	GMV 55
Pereira MM	CA 10	Racedo J	GMV 2

Rachoski M	GMV 17	Roselló PL	GGM 10
Radic CP	GGM 24	Rosset SD	CA 7
Raggio MC	GPE 3	Rossetti CA	GMA 12
Rahn IM	CH 2	Rossetti LC	GGM 24
Rahn MI	CA 8	Rossetti MV	FG 1 GME 15
Ramallo V	GGM 18	Rossetto C	GMA 12
Ramirez JM	CH 8 GME 11	Rossi EA	GMV 44
Rapisardi MF	GMI 1	Rossi N	CH 12 GME 17
Raschia MA	GMA 9 GMA 15 GMA 16	Rosso BS	GMV 25 GMV 27
Realini MF	CV 13 CV 14	Rozados VR	GEDU 6
Rébola F	GMV 60	Rozental S	CH 5
Recalde EL	GBIO 2	Rua GH	GMV 35
Redal MA	EPG 4	Rudek C	MCTA 3
Reid R	GMV 54	Rueda F	GPE 20
Reis MS	GPE 9 GPE 15 RRG 2	Ruiz de Bigliardo GE	CA 3 CA 6 CV 2
	RRGG 3	Ruiz G	GGM 26
Rendina AP	EPG 5	Sacco F	GMV 4
Rey Valzacchi G	CH 2	Sadaba SA	GGM 16 RRG 8
Reynoso M	GGM 23	Sagua M	GGM 26
Richard SM	MCTA 7	Sala C	GMV 52
Rigalt F	GGM 12 GPE 6	Salatin A	GMA 12
Rimieri P	GMV 42	Saldúa VL	GMV 11
Rios EF	GMV 37	Saleme C	GME 16
Ríos M	GMA 7	Salerno JC	GMV 71
Ripoli MV	GGM 15 GMA 4 GPE 23	Salim E	GMV 68
Riva AM	CV 6	Salinas M	GGM 26
Rivas JG	GMV 56	Salvucci RD	GMV 52
Rivera Pomar R	GGM 4 GGM 5 GGM 25	Samaniego R	CH 10
	GGM 26 GPE 12	Sambucetti P	GPE 1 GPE 2
Rivero MB	GGM 11	Sánchez Negrette O	GEDU 2
Robledo G	CV 16	Sanchez V	GME 17
Rocha CML	GMV 53	Sandoval GL	GMA 6
Rodriguez A	GMV 17	Santalla M	GGM 26
Rodriguez D	GMV 3	Sarlinga E	GMV 34
Rodríguez GR	GMV 64 GMV 65	Scaccia D	GPE 20
Rodriguez MB	EPG 4	Scala SC	GME 4 GME 6 GME 8
Rodríguez ME	GPE 16	Scaldaferro M	CV 1
Rodriguez S	CH 10 CH 11	Scannapieco AC	GMA 18
Roeschlin R	GGM 3	Scarpín J	CV 16
Rogberg Munoz A	GMA 4 GPE 23	Schedler M	GMV 28 GMV 29
Rogers JW	GMV 10 GMV 18	Schiaffi J	GGM 23
Roggero Luque JM	CV 3	Schor A	GGM 14
Roig JM	GMV 42	Schultz J	RRGG 2
Rojas C	RRGG 7	Schussler G	GPE 15 RRG 2 RRG 3
Rolandelli A	GGM 25	Schwab MS	GGM 18
Roldan D	GMA 15 GMA 16	Sciurano RB	CA 8 CH 2
Roldán Olarte M	GGM 11	Segura D	GMI 5
Rolón A	CH 9	Seijo JG CV 3	CV 16 RRG 7
Romero SR	GGM 12 GPE 6	Sendín LN	GGM 3
Romero Sueldo M	CA 3 CA 6	Seoane AI	GEDU 5 MCTA 6
Rondan Dueñas JC	GPE 7	Sequin L	GMV 49

Shedler M	GMV 30	Tiscornia MM	GGM 20 GME 2
Siewert SE	CH 1 CH 6 GEDU 3 GEDU 4 GME 12 GME 13	Tocho E	GMV 11
Silberman J	GMI 5	Tognetti J	MCTA 2
Silenzi Usandivaras GM	CA 3 CV 19	Tognetti JA	GMV 10
Silva JZ	GPE 9	Tolaba NN	CH 7
Silvestri MC	CV 4	Toncovich ME	GMV 70
Simón GE	GMV 1	Torales S	GGM 8
Sioli G	CH 9	Torres Carbonell F	GPE 22
Sioli GA	GBIO 6	Torres E	CH 10 CH 11
Slavutsky I	CH 4	Torres L	GMV 69
Soave SJ	GMV 69	Tortosa RD	CV 8
Solari A	GME 3	Tosto D	GPE 24
Solari AJ	CA 8 CH 2	Tranquilli G	GMV 5
Soldati MC	GGM 1	Travela C	GME 17
Solis Neffa VG	CV 3 GPE 18	Traverso L	GGM 5
Soria LA	GGM 14	Trono K	GMA 16
Sorol CB	GPE 16	Túnez JI	GPE 5
Soto G	GMV 13	Ulrich N	GPE 24
Spedaletti Y	GMI 2 GMI 3 GMI 4	Urdampilleta JD	CV 9
Speranza PR	GMV 35	Ureta MS	GPE 22
Stazionati MF	GMA 2 GMA 11	Vaccaro C	EPG 4
Stazione L	GPE 2	Valdecantos PA	GGM 11
Steels C	GMV 10	Valdez R	GGM 23
Steiner F	RRGG 3	Valencia I	GME 5 GME 23
Stella F	CH 4	Valerio N	MCTA 3 MCTA 4
Stenglein S	GMI 4	Varea I	GMV 25
Stiefkens L	CV 8	Vargas AL	GME 11
Sturich A	CH 12 GME 17	Vargas N	MCTA 3
Suarez E	MCTA 4	Vasquez EC	GME 7
Suárez JC	GMV 41	Vasquez Gomez ME	GEDU 3 GEDU 4
Suárez MA	GMV 41	Vazquez Rovere C	GMV 14
Suarez Mendoza E	MCTA 3	Vega DJ	GEDU 8 GMV 21
Swarça AC	CA 9 CA 10	Vega MC	MCTA 1
Tabbita F	GMV 12	Velazco JG	GMV 42
Taboada G	GMI 2 GMI 3	Vellicce G	GMV 53
Taboas M	GME 3	Venturelli NB	CA 9 CA 10
Taborda RJ	GMV 69	Vera M	GMA 5 GMA 13 MCTA 1
Tacaliti MS	GMV 11	Verga AR	GGM 8
Taddeo HR	GMA 14	Vidal A	GMV 17
Taffarel A	CA 5	Vidal Rioja L	GGM 12 GGM 13 GPE 6
Tagliotti ME	GMV 66 GMV 67	Vieira W	RRGG 2
Takagui FH	CA 9 CA 10	Villalba LL	GBIO 1 GBIO 3 GBIO 4 GBIO 5 GBIO 6 GMI 6 GMI 7
Talavera Stéfani LN	GPE 16 RRGG 7	Villalba MI	GME 4 GME 6 GME 8
Tamagnini F	GME 1	Villarreal EL	GGM 14 GMA 4 GPE 23
Teich I	GMV 69	Villarreal M	MCTA 3
Tello A	GME 22	Villegas Castagnasso EE	GGM 16
Tenaglia G	GMV 58	Villegas F	GME 22
Terenti O	GMV 47	Vilte MP	CH 7
Teves P	GMV 14	Visich A	GGM 22 GME 18
Tibolla MM	GGM 19 GGM 21		

Vizgarra O	GMI 2 GMI 3
Wei S	GPE 23
Wei YM	GPE 23
Weiss AI	GMV 28 GMV 30
Welin B	GMV 2
Wigdorovitz A	GMA 8
Zabala JM	GMV 26 RRGG 1
Zambelli A	GMV 54
Zapata G	GGM 17
Zapata PD	GBIO 1 GBIO 3 GBIO 4 GBIO 5 GBIO 6 GGM 19 GGM 20 GGM 21 GME 2 GMI 6 GMI 7
Zappani LLE	CV 15
Zechini AA	RRGG 3
Zelener N	GGM 1
Zilli AL	GMV 28 GMV 29 GMV 37
Zini PL	GBIO 4
Zorzoli R	GMV 64 GMV 65
Zuccoli J	FG 1
Zuil S	GMV 54



BAG
Journal of Basic & Applied Genetics