



# Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

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

Proceedings

**XLVI ARGENTINE CONGRESS OF GENETICS**

*Actas*

**XLVI CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA**

Cited by

**BIOLOGICAL ABSTRACTS**

**GENETICS ABSTRACTS**

**SISTEMA LATINDEX**

**THOMSON REUTERS**

**SCOPUS**

Included in **SciELO**







# **ACTAS**

## **XLVI CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA IV JORNADA REGIONAL NOA**

1 al 4 de octubre de 2017

**CENTRO DE INTEGRACIÓN E IDENTIDAD CIUDADANA (CIIC)  
SAN FERNANDO DEL VALLE DE CATAMARCA  
CATAMARCA - ARGENTINA**

## COMISIÓN DIRECTIVA

---

### **PRESIDENTE**

Dr. Juan Carlos Salerno  
*Instituto de Genética (IGEAF)*  
*INTA – Hurlingham, Buenos Aires*

### **VICEPRESIDENTE 1º**

Dr. Mario H. Urbani  
*Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE)*  
*Facultad de Ciencias Agrarias*  
*Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes*

### **VICEPRESIDENTE 2º**

Dra. María Inés Echeverría  
*Instituto de Genética*  
*Facultad de Ciencias Médicas*  
*Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza*  
(Presidente de la Subcomisión de Docencia)

### **SECRETARIO**

Dr. Gustavo Rodríguez  
*Facultad de Ciencias Agrarias - CONICET*  
*Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe*

### **TESORERO**

Dr. Guillermo Giovambattista  
*Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) - CONICET*  
*Facultad de Ciencias Veterinarias*  
*Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires*

### **VOCAL 1ro (Prosecretario)**

Dr. Julio Rubén Daviña  
*Instituto de Biología Subtropical (IBS) – CONICET*  
*Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales*  
*Universidad Nacional de Misiones, Misiones*

### **VOCAL 2do (Protesorera)**

Dra. Cecilia Fabiana Bessega  
*Instituto de Ecología, Genética y Evolución*  
*(IEGEB) – CONICET*  
*Facultad de Ciencias Exactas y Naturales*  
*Universidad Nacional de Buenos Aires, Buenos Aires*

### **VOCAL 3ro**

Dra. Silvia Adela Ávila  
*Hospital Castro Rendón, Neuquén*  
(Presidente de la Subcomisión de Prensa)

### **VOCAL SUPLENTE 1ro**

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

### **VOCAL SUPLENTE 2do**

Dra. Graciela del Rey  
*CEDIE CONICET – FEI – División de Endocrinología*  
*Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez, Buenos Aires*

### **REVISOR DE CUENTAS**

Dr. Pedro Rimieri  
*Docente de posgrado y Asesor en Fitomejoramiento*

## CONSEJO ASESOR

---

### **REGIÓN CIUDAD AUTÓNOMA DE BUENOS AIRES Y PROVINCIA DE BUENOS AIRES**

Dra. Mónica Poverene  
*Departamento de Agronomía – CONICET*  
*Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires*

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

Dr. Nestor 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  
*Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*  
*Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba*

Dr. Iván Tiranti  
*Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*  
*Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba*

### **REGIÓN CUYO**

Dra. Norma Magnelli  
*Facultad de Ciencias Médicas*  
*Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza*

### **REGIÓN NOROESTE**

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

### **REGIÓN NORESTE**

Dr. Camilo Quarin  
*Facultad de Ciencias Agrarias*  
*Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes*

### **REGIÓN LITORAL**

Dra. Liliana A. Picardi  
*Facultad de Ciencias Agrarias*  
*Universidad Nacional de Rosario, Santa Fé*

Dra. María Inés Oyarzábal  
*Facultad de Ciencias Veterinarias*  
*Universidad Nacional de Rosario Santa Fé*

### **REGIÓN LA PAMPA Y PATAGONIA**

Dr. Leonardo Gallo  
*Unidad de Genética Forestal*  
*EEA INTA Bariloche, Río Negro*

## COMISIÓN ORGANIZADORA LOCAL

---

### COORDINADORES GENERALES

Lic. M. Damián Mendez  
*Universidad Nacional de Catamarca (UNCA), Universidad Nacional de Chilecito (UNdeC), Hospital de Interzonal Niños de Catamarca*

Lic. Romina Ines Unzaga  
*Laboratorio Satélite de Genética Forense de Catamarca*

### INTEGRANTES

Lic. Carolina Martinez Taibo (M.Sc.)  
*Hospital Dr. Arturo Oñativia*

Dr. Fabián López  
*Instituto Superior de Investigaciones Biológicas, Tucumán (INSIBIO); Universidad Nacional de Chilecito (UNdeC)*

Lic. Mercedes Pescaretti  
*Instituto Superior de Investigaciones Biológicas, Tucumán (INSIBIO)*

Lic. René Vergara  
*Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Catamarca (UNCA)*

Ing. Agr. Stella Clerici  
*Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca (UNCA)*

M. Sc. Ivan Delgado  
*Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca (UNCA)*

Lic. Silvio Casimiro  
*Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca (UNCA)*

Tec. Biogenética. Matias Bulacio  
*Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR)*

Tec. Biogenética. Javier Almarás  
*Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR)*

## COMITE CIENTÍFICO

---

### COORDINADOR GENERAL INTA-FOROS

Ing. Agr. (Dr.) Jose Luis Riedel  
*CR Catamarca-La Rioja, INTA*

### SUBCOORDINADOR INTA-FOROS

Ing. Agr. (Dr.) Rafael Enrique Caeiro  
*EEA Catamarca, INTA*

### RESPONSABLES INTA-FOROS

Lic. Miriam Lencina  
*CR Catamarca-La Rioja, INTA*

Ing. Agr. Vanesa Aybar  
*EEA Catamarca, INTA*

### INTEGRANTES

**Foro Frutales:**  
Ing. Agr. Dante Carabajal  
*EEA Catamarca, INTA*

**Foro Camélidos:**  
Ing. Agr. Francisco Rigalt  
*EEA Catamarca, INTA*

**Foro Caprinos:**  
Ing. Agr. Víctor Herrera  
*EEA Catamarca, INTA*

### Foro Aromáticas, Andinos, Nativas:

Ing. Agr. Luisa Brizuela  
*EEA Catamarca, INTA*

Ing. Agr. Luis Prenol  
*EEA Catamarca, INTA*

Dr. Alejandro Toro  
*EEA Catamarca, INTA*

Ing. Agr. Fernando Balbi  
*CR Catamarca-La Rioja, INTA*

## COMITÉ EDITORIAL

---

### **Editor General:**

Dra. Elsa L. Camadro  
FCA, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP) y  
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas  
(CONICET)  
Balcarce, Argentina

### **Editores Asociados:**

#### **Citogenética Animal**

Dra. Liliana M. Mola  
FCEN, Universidad Nacional de Buenos Aires (UBA) y CONICET  
Buenos Aires, Argentina

#### **Citogenética Humana**

Dra. Silvia Avila  
Universidad Nacional de Comahue  
Hospital Castro Rendón  
Neuquén, Argentina

Dra. Roxana Cerretini  
Centro Nacional de Genética Médica, Administración Nacional  
de Laboratorios e Institutos de Salud (ANLIS) "Dr. Carlos G.  
Malbrán"  
Buenos Aires, Argentina

#### **Citogenética Vegetal**

Dra. Liliana M. Mola  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad  
Nacional de Buenos Aires (UBA) y CONICET  
Buenos Aires, Argentina

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

#### **Genética de Poblaciones y Evolución**

Dr. Jorge Cladera  
Instituto de Genética "Ewald Favret", INTA  
Castelar, Argentina

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

Dr. Juan César Vilardi  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad  
Nacional de Buenos Aires (UBA) y CONICET  
Buenos Aires, Argentina

#### **Genética Humana y Genética Médica**

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

#### **Genética Médica, Humana y Citogenética**

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

Dra. Silvia Avila  
Universidad Nacional de COMAHUE  
Hospital Castro Rendón  
Neuquén, Argentina

#### **Genética Molecular (Animal)**

Dr. Guillermo Giovambattista  
Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET),  
Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La  
Plata (UNLP) y CONICET  
La Plata, Argentina

#### **Genética Molecular (Vegetal)**

Dr. Alberto Acevedo  
Centro de Investigación de Recursos Naturales, INTA  
Castelar, Argentina

Dr. Andrés Zambelli  
Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar  
del Plata (UNMdP)  
Balcarce, Argentina

#### **Genética y Mejoramiento Animal**

Ing. (M. Sc.) Carlos A. Mezzadra  
EEA Balcarce, INTA y Facultad de Ciencias Agrarias,  
Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP)  
Balcarce, Argentina

Dra. Liliana A. Picardi  
Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de  
Rosario (UNR)  
Zavalla, Argentina

#### **Genética y Mejoramiento Genético Vegetal**

Dra. Natalia Bonamico  
Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de  
Río Cuarto (UNRC)  
Córdoba, Argentina

Dr. Ricardo W. Masuelli  
EEA La Consulta, INTA  
Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo  
(UNCu) y CONICET  
Mendoza, Argentina

Dra. Mónica Poverene  
Departamento 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"  
INTA Castelar, Argentina

#### **Consultor Estadístico:**

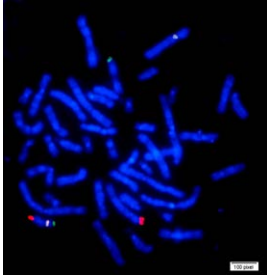
Ing. Agr. Francisco J. Babinec  
EEA Anguil INTA, y FCA, Univ. Nacional de La Pampa  
(UNLPam)  
La Pampa, Argentina

#### **Secretaría de Redacción:**

Dra. María de las Mercedes Echeverría  
FCA, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP)  
Balcarce, Argentina

# FOTOGRAFÍAS Y AUTORES

## Tapa



Translocación balanceada múltiple  
**C. Martínez Taibo**



Machos de cruzamiento de tres vías Campero Casilda  
**S. A. Advínculo**



Cultivo de papa en Tucumán  
**M. Huarte.**

## Carátulas



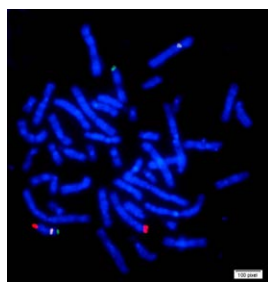
**CA**  
Bivalentes  
**J.F. Maune**



**GMI**  
Phormium tenax "Variegata"  
**M. M. Echeverria**



**GME**  
Diseñado por Federico Maune



**CH**  
Translocación balanceada múltiple  
**C. Martínez Taibo**



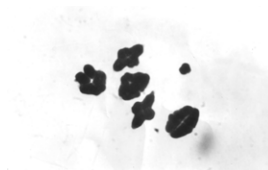
**GPE**  
Uñas de gato - MDP  
**E.L. Camadro**



**GV**  
Variabilidad genética en frutas y hortalizas  
**E.L. Camadro**



**GH**  
Fenotipos morfológicos de manos en hermanos completos  
**J. y M. Santini**



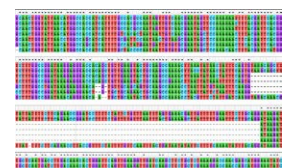
**CV**  
Maiosis  
**R.H. Rodríguez**



**GMA**  
Machos de cruzamientos de tres vías Campero Casilda  
**S. A. Advínculo**



**GEDU**  
Clase práctica en el campo  
**Pablo Manetti**



**GGM**  
Alineación de secuencias nucleotídicas  
Provista por **J.F. Maune**



**MV**

Cultivo de papa en  
Tucumán

**M. Huarte**



**MCTA**

Mutación en *Dracaena*  
*fragrans*

**E. L. Camadro**

---

**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.



## ÍNDICE

---

<b>ACTA PREMIO SAEZ</b>	<b>11</b>
-------------------------	-----------

---

<b>CONFERENCIAS</b>	<b>15</b>
---------------------	-----------

---

<b>SIMPOSIOS</b>	<b>21</b>
------------------	-----------

---

<b>TALLER</b>	<b>33</b>
---------------	-----------

---

<b>FORO</b>	<b>37</b>
-------------	-----------

---

<b>ESPACIO JOVEN</b>	<b>41</b>
----------------------	-----------

---

<b>COMUNICACIONES LIBRES</b>	<b>49</b>
------------------------------	-----------

---

CA. Citogenética Animal.....	49
CH. Citogenética Humana.....	55
CV. Citogenética Vegetal.....	63
GMI. Genética de Microorganismos.....	67
GPE. Genética de Poblaciones y Evolución..	73
GH. Genética Humana.....	91
GMA. Genética y Mejoramiento Animal.....	101
GME. Genética Médica.....	111
GV. Genética Vegetal.....	121
GEDU. Genética y Educación.....	133
GGM. Genómica y Genética Molecular.....	137
MV. Mejoramiento Vegetal.....	147
MCTA. Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental.....	167





# **ACTA DEL PREMIO FRANCISCO A. SÁEZ**

PERÍODO 2015-2017





Buenos Aires, 17 de marzo de 2017

De acuerdo a la votación de los 5 jurados designados para otorgar el “Premio Francisco Sáez” a los trabajos publicados en la revista JBAG durante el período 2015–2017, el veredicto determina compartir el primer premio con el fundamento respectivo a los siguientes trabajos:

### **DIAGNÓSTICO GENÉTICO PREIMPLANTATORIO (DGP) EN PORTADORES DE REARREGLOS ESTRUCTURALES BALANCEADOS POR ACGH (ARRAY COMPARATIVE GENOMIC HYBRIDIZATION).**

Ducatelli M.E., A. Graziotin Mondadori , F. Coco , N. Neuspiller , F.L. Gismondi , R. Coco.  
Fecunditas, Instituto de Medicina Reproductiva, Afiliada a la Universidad de Medicina, UBA.

Los Objetivos están perfectamente establecidos y expresados. Los Materiales y métodos están concisa y claramente definidos. Se analiza el riesgo de desbalance cromosómico en blastocistos de pacientes portadores de rearreglos cromosómicos.. Los Resultados están presentados y expresados en tablas de fácil y rápida apreciación. Esta metodología permite reducir sustancialmente el riesgo en la fecundación y mejora notablemente la eficiencia del Diagnóstico Genético Preimplantatorio. La Discusión explica los métodos y técnicas previamente usados y los compara con la nueva metodología resaltando sus ventajas respecto de las anteriores. Los autores han demostrado con este estudio la factibilidad de la aplicación clínica de esta novedosa metodología, La bibliografía es actual y figuran trabajos previos de los autores.

### **ANÁLISIS GENEALÓGICO Y MOLECULAR DE UN PLANTEL ANGUS DE ARGENTINA.**

Corva P.M.<sup>1</sup>, Colavita M.I.<sup>1</sup>, Legaz G.<sup>2</sup>, Martínez M.<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Unidad Integrada Balcarce. C.C. 276, 7620 Balcarce, Argentina. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética Aplicada, Sociedad Rural Argentina. Juncal 4431, 2º Piso, 1425 Buenos Aires, Argentina.

El doble Objetivo planteado, genealógico y genético, ha sido perfectamente alcanzado, representando un profundo y detallado estudio que combina la información genealógica y molecular de un plantel de la raza Angus que revela importantes aspectos de la historia de la raza en el país. El análisis realizado permitió evaluar el incremento de la consanguinidad por generación y demostrar que los apareamientos exogámicos reducen este incremento. Los Materiales y métodos son correctos. La discusión amplia y exhaustiva remarca los aspectos moleculares e históricos de la raza Angus en Argentina. Las conclusiones de este trabajo contribuyen al desarrollo de estrategias de manejo en esta y otras especies domésticas. La Bibliografía es destacable. Se destaca la posibilidad inmediata de la aplicación de los resultados y conclusiones de estos trabajos en los seres vivos.

También, el jurado considera otorgar “MENCIÓN ESPECIAL” a los siguientes trabajos:

**ASOCIACIÓN ENTRE VARIABILIDAD GENÉTICA Y FENOTÍPICA CON AJUSTE POR AUTOCORRELACIÓN ESPACIAL EN *PROSOPIS*.**

Teich I.<sup>1</sup>, Mottura M.<sup>2</sup>, Verga A.<sup>2</sup>, Balzarini M.<sup>1</sup> <sup>1</sup> Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. CONICET. <sup>2</sup>Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV). Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP). Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).

**DAÑO GENÉTICO PERSISTENTE INDUCIDO POR VENENOS DE TOPOISOMERASA II EN FIBROBLASTOS HUMANOS NORMALES: GENERACIÓN DE INESTABILIDAD CROMOSÓMICA.**

de Campos-Nebel M.<sup>1</sup>, Palmitelli M.<sup>1</sup>, Acevedo S.<sup>2</sup>, González Cid M.<sup>1</sup> <sup>1</sup> Laboratorio de Mutagénesis, Instituto de Medicina Experimental, IMEX-CONICET, Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup> División Genética, Departamento de Patología y Diagnóstico, Instituto de Investigaciones Hematológicas (IIHema), Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires, Argentina.

Santiago E. Lippold

Camilo Quarín

Dardo Martí

Juan César Vilardi



Juan Carlos Salerno



# CONFERENCIAS





1

---

## CONFERENCIA FRANCISCO A. SÁEZ

### LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y LA VARIABILIDAD GENÉTICA, DOS CONCEPTOS DIFERENTES ASOCIADOS AL GERMOPLASMA Y AL MEJORAMIENTO GENÉTICO

Rimieri P. Asesor/Docente.  
E-mail: primieri73o@gmail.com

Esta conferencia se concentrará en el reino vegetal involucrando a las especies útiles al hombre. En ese contexto, hay dos disciplinas claras y complementarias: la relacionada con la diversidad de los recursos genéticos por un lado y la de la domesticación y el mejoramiento genético por el otro lado. La segunda se nutre de la primera, pero no afecta ni debe afectar a la estructuración y conservación de las poblaciones prístinas o a la biodiversidad de poblaciones en constante adaptación y evolución. Muchas veces se confunde o asocia a la variabilidad genética, sustrato de la selección y del mejoramiento genético, con la diversidad genética. La genética de poblaciones y la evolución permiten entender, describir y dar las pautas para que la biodiversidad se comprenda y se conserve. Dentro de esa biodiversidad está la diversidad genética, que involucra a las variaciones heredables de los recursos genéticos, mientras que el mejoramiento genético es el arte y la ciencia que mediante un conjunto de actividades mejoran y modifican las cualidades de los genotipos y se vale de la variabilidad genética de colecciones de trabajo y bancos de germoplasma. Al obtener un nuevo cultivar se pierde variabilidad genética con respecto a la población que le dio origen como consecuencia del mismo proceso selectivo. Sin embargo, las probabilidades de éxito en la obtención de cultivares aumentan cuando se dispone de amplia variabilidad genética en el inicio. Complementariamente, se hará referencia al contexto tecnológico actual relacionado con la diversidad genética y la variabilidad genética.

2

---

## CONFERENCIA EWALD A. FAVRET

### RECONSTRUCCIÓN DE CENTROS DE ORIGEN Y DOMESTICACIÓN DE CULTIVOS

Seijo J.G.<sup>1</sup> Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes.  
E-mail: seijo@agr.unne.edu.ar

La domesticación de plantas contribuyó a la Revolución Neolítica que marcó un punto de inflexión en la historia del hombre. La domesticación es un proceso resultante de la combinación de la evolución natural y la selección empírica. Tradicionalmente, para determinar el origen y la domesticación de las plantas se utilizaron cuatro tipos de evidencias. Éstas son las arqueológicas, las botánicas, las históricas y las lingüísticas. En los últimos años, la información generada mediante marcadores moleculares ha incrementado el entendimiento sobre la diversidad genética y el proceso de domesticación de los cultivos. Asimismo, los marcadores y secuencias ADNcp, y los datos genómicos ayudaron a la identificación de las rutas de migración de los cultivos y en muchos casos permitieron distinguir el papel evolutivo de la selección, deriva y migración. Por otro lado, los análisis cariotípicos y de contenido de ADN han evidenciado el rol de los cambios en ploidía y de los cambios cromosómicos estructurales en la evolución de los cultígenos y sus parientes silvestres. En este trabajo se revisan y discuten los estudios que han contribuido a determinar los centros de origen, domesticación y diversificación en Sudamérica, con énfasis en los relativos a arqueología, botánica, citogenética, biología molecular y genómica. Se analizan especialmente datos existentes para el maní y se comparan con otros los cultivos con centros de origen en la región del NOA y sur de Bolivia.

3

### COMPROMISO CIENTÍFICO Y VALORES ÉTICOS

Giorgiutti E.M.P.1. 'GENMEDICA, Albarelos 2087, Martínez, Buenos Aires.  
E-mail: empgiorgiutti@gmail.com

Si con el positivismo lógico, a comienzos del siglo XX, se supuso que la actividad científica no debía incluir juicios valorativos, sino que se tenía que circunscribir a definir la verdad o falsedad de la hipótesis; hoy se acepta, por el contrario, la ineludible responsabilidad moral del científico en relación con el respeto por los semejantes y por la naturaleza toda. Paradójicamente, con el positivismo también comenzó a gestarse el concepto de una ética de la ciencia que incluye a la medicina y a la biología. El marco conceptual de la Bioética es amplio y supone aristas en común con el derecho, la filosofía, la sociología y el estudio del medio ambiente, entre otros; y eventualmente el solapamiento con asuntos que se refieren a cuestiones de fe. Los principios bioéticos son formulaciones con pretensión de universalidad, que se establecen como marcos de referencia. De ellos derivan las normas bioéticas que se aplican a la resolución de situaciones. Los principios no son impuestos sino adoptados. En tanto que las normas internacionales, a las que la Argentina ha adherido, son de cumplimiento obligatorio. Quienes trabajamos en genética, en cuanto el quehacer común nos convoca a investigar sobre la intimidad de los resortes de la naturaleza, estamos obligados a una particular pulcritud en el cuidado de las conductas morales. Dicho de otra manera: los valores éticos también deben estar ubicados en nuestra mesada de trabajo.

4

### ANÁLISIS DE MEDIAS GENERACIONALES: PASADO Y PRESENTE

Babinec F.J.'1 EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", INTA. Facultad de Agronomía, UNLPam.  
E-mail: babinec.francisco@inta.gob.ar, fbabinec@gro.unlpam.edu.ar

El análisis de medias generacionales para el estudio de la variación continua fue propuesto primero por Mather y luego modificado por otros autores. Pese a sus limitaciones, sigue siendo usado en genética y mejoramiento vegetal. El método se basa en el estudio de las progenies (F1 y F2) provenientes de la cruce de dos genotipos parentales (P1 y P2), y las retrocruzas (B1 y B2) de la F1 por las dos líneas parentales. Las seis generaciones son evaluadas en experimentos convencionales como bloques aleatorizados completos, y la importancia de los diferentes efectos genéticos se infiere mediante contrastes de las medias generacionales, o se estima por los coeficientes de una regresión ponderada. La bondad de ajuste del modelo se evalúa por una prueba de chi cuadrado, lo que se conoce como prueba de escala. Como los tests se basan en las varianzas intraparceldarias, esto puede llevar a resultados significativos en exceso. Otros modelos emplean los valores parcelarios y asumen un término común de error, lo que no tiene en cuenta la heterogeneidad de varianza derivada del distinto vigor de las diferentes generaciones, a lo que se suma el diferente tamaño de cada generación. El advenimiento y difusión de los modelos mixtos y las pruebas basadas en verosimilitud para la selección de modelos, permite estimar los efectos genéticos de manera simple, como lo ilustran varios trabajos aparecidos en los últimos años que se reseñan. Se plantea el uso de diseños alternativos como bloques generalizados, combinado con el empleo de modelos mixtos para superar algunas de las limitaciones apuntadas.

5

---

**WITHOUT SHARING DATA DNA  
DIAGNOSTICS IS NOT POSSIBLE**den Dunnen J.T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>LOVD databases, Clinical Genetics & Human Genetics, Leiden University Medical Center (LUMC), Leiden, Nederland.  
E-mail: e-mail@johandendunnen.nl

It seems so simple: DNA diagnostics is based on sharing data on genes, variants and phenotypes. Without sharing DNA diagnostics is not possible. Consequently, when we do not share, we do not offer optimal care to the patients and their families. One would therefore expect that (i) sharing is the standard, and (ii) excellent well-funded databases are available displaying all information known. Unfortunately, reality is different. Sharing is not the standard, far from. Although funding agencies and journals try to force improvements developments are slow. Many databases, especially the gene variant databases (LSDBs), struggle to survive cause by a lack of structural funding as well as the availability of active database curators. As a consequence, available knowledge is spread over a range of databases. On one hand there are the general databases (like HGMD, dbSNP, EVA, ExAC, COSMIC, OMIM, etc), “a mile wide/an inch deep”, collecting large-scale genome-wide information. On the other hand there are the gene variant databases (like ClinVar, LOVD, UMD, etc), “an inch wide/a mile deep”, collecting individual genetic information including detailed phenotype data. I will give a brief overview of the available databases, their differences, the type of information they contain and the quality to expect. In addition I will stress the importance of sharing data; the focus should be on the interest of the patient, not on personal interest.

6

---

**FARMACOGENÓMICA DE LA  
CARDIOTOXICIDAD DE DROGAS TIPO  
ANTRACICLINAS**

Blanco J.G.1. <sup>1</sup>School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, The State University of New York at Buffalo.  
E-mail: jgblanco@buffalo.edu

El uso clínico de drogas tipo antraciclinas (por ej. doxorubicina y daunorubicina) para tratar una amplia variedad de cánceres en pacientes adultos y pediátricos se dificulta por el desarrollo de cardiotoxicidad en algunos casos. Nuestra hipótesis de trabajo postula que ciertos polimorfismos genéticos y factores epigenéticos en la red de genes que regulan la compleja farmacodinamia de las antraciclinas modifican el riesgo de cardiotoxicidad. Estudios clínicos recientes en colaboración con investigadores del grupo de oncología pediátrica de Norteamérica (*Children's Oncology Group*, COG) han identificado varios polimorfismos genéticos asociados con el riesgo de cardiotoxicidad en sobrevivientes de cánceres pediátricos. Estudios pre-clínicos basados en el análisis de muestras de tejido cardíaco y los resultados de un modelo de clasificación y regresión (CART) sugieren que factores tisulares (por ej. contenido de ADN mitocondrial y contenido de AKR7A2) impactan la síntesis de metabolitos cardiotoxicos de antraciclinas. Nuestro objetivo final es el desarrollo de algoritmos clínicos para predecir el riesgo de cardiotoxicidad en pacientes con cáncer tratados con antraciclinas.



# SIMPOSIOS



## ORIGEN GENÉTICO Y GEOGRÁFICO DE CULTIVOS AMERICANOS

Coordinador: J. Guillermo Seijo

1

### DOMESTICACIÓN DE LOS AJÍES EN SUDAMÉRICA: UNA APROXIMACIÓN DESDE LA FILOGEOGRAFÍA

Acosta M.C.<sup>1</sup>, M.A. Scaldaferrro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV), CONICET-Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Facultad de Cs. Exactas, Físicas y Naturales, UNC. E-mail: mcacosta@imbiv.unc.edu.ar

La domesticación de las plantas ha sido la principal herencia que recibimos del hombre primitivo y este patrimonio contribuyó en buena medida al desarrollo de la humanidad. Investigaciones arqueológicas realizadas en distintas partes del mundo permiten identificar regiones en donde se encuentran los restos más antiguos de plantas cultivadas, que son consideradas como probables centros de origen de la agricultura. La filogeografía es una disciplina que estudia cómo se distribuyen las variantes genéticas en el espacio geográfico, y es por esto que contribuye a la determinación de sitios de origen de los cultivos. En este trabajo, se analizó la diversidad genética del ají sudamericano *Capsicum baccatum*, “ají quitucho”, en todo el rango de su distribución, y se compararon los haplotipos o variantes genéticas obtenidos con los encontrados en frutos comprados en los mercados de Sudamérica. Con los datos obtenidos se infiere que *C. baccatum* fue primariamente domesticado en los llanos de Bolivia y en los Valles Interandinos Peruanos; sin embargo fue sorprendente el hallazgo de un segundo origen de domesticación, en la frontera entre Bolivia y Argentina. Esta región del piedemonte de las yungas ha sido considerada un importante centro de agricultura en tiempos prehistóricos.

2

### ORIGEN GENÉTICO Y GEOGRÁFICO DEL MANÍ

Seijo J.G.<sup>1,2</sup>, S. Samoluk<sup>1</sup>, L. Chalup<sup>1</sup>, M. Grabile<sup>1</sup>, L. Perez<sup>1,3</sup>, O. Royo<sup>4</sup>, A. Ortiz<sup>1</sup>, G. Lavia<sup>1,2</sup>, S. Moreno<sup>1</sup>, V. Solís Neffa<sup>1,2</sup>, G. Robledo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE); <sup>2</sup>FACENA; <sup>3</sup>FCA, Universidad Nacional del Nordeste; <sup>4</sup>EEA-INTA Corrientes, Corrientes, Argentina. E-mail: seijo@agr.unne.edu.ar

El maní es un cultígeno alotetraploide ( $2n=40$ , AABB), cuyos restos arqueológicos más antiguos (4.500 años AP) fueron hallados en la costa pacífica de Perú, cercanos a sitios arqueológicos con restos de especies silvestres de *Arachis* (8.000 años AP). Sin embargo, todas las especies silvestres diploides se distribuyen en las tierras bajas al este de los Andes, y las poblaciones del único alotetraploide AABB silvestre crecen en el NOA. Los análisis con marcadores SSR y RFLP evidenciaron la existencia de dos grandes grupos genéticos dentro del maní, mientras que los análisis fenético y taxonómico revelaron la existencia de seis variedades botánicas agrupadas en dos subespecies. Sobre esta base se propusieron seis genocentros y se postuló el origen múltiple del cultivo. Por otra parte, los estudios cromosómicos identificaron a las especies diploides donantes de los genomas A y B; y el análisis de secuencias nucleares y cloroplásticas identificaron las poblaciones genéticamente más afines con el maní en el Noroeste de Argentina y Sur de Bolivia. Estos últimos análisis sugirieron que el maní se habría originado en un solo evento de poliploidización y que se habría diversificado posteriormente en diferentes agroecosistemas. El modelado de nicho ecológico de las especies parentales evidenció que la probabilidad de distribución simpátrica espontánea de las mismas, tanto en el presente como en el pasado, es nula; por lo tanto, el origen del maní no se habría dado por contacto natural de las especies parentales, sino en las parcelas de cultivo de los antiguos pobladores.

3

### RAZAS MORFOLÓGICAS DE MAÍZ NATIVO DEL NOA Y SU CONTRAPARTE, LAS POBLACIONES MEJORADAS Y ADAPTADAS AL GRAN CULTIVO

Rimieri P. Asesor/Docente. E-mail: primieri73@gmail.com

Las provincias de La Rioja, Catamarca, Tucumán, Salta y Jujuy forman parte de la cultura andina del maíz. Si bien las cifras sobre el número y ubicación de los campesinos de escasos recursos en el mundo presentan grandes divergencias, se estima que  $\pm$  2.000 millones de personas aún se encuentran al margen de la agricultura moderna. En Argentina, esos campesinos, que cultivan al menos maíz, están en el NOA y el NEA en los lugares más aislados, realizan lo que se denomina agricultura de subsistencia y las

razas que cultivan fueron caracterizadas por el Ing. Agr. Julián Cámara Hernández. Desde que el hombre estuvo en el actual NOA y en especial en la zona de la Quebrada de Humahuaca, el maíz ya domesticado transformó a la región en un centro de diversidad secundario para el cultivo del maíz, la que es clave para el mantenimiento de la diversidad del maíz del Cono Sur. El gran cultivo de maíz comercial en Argentina se basa en otro tipo de germoplasma, caracterizado por muy pocas razas y que no interfieren con las comunidades que cultivan y preservan más de 50 razas de maíz nativo. Los cultivares comerciales de maíz adaptados al NOA, denominados “tropicales” derivan de germoplasma diverso, aunque los más representativos fueron obtenidos en el INTA Leales, por el agrónomo Gerónimo Gómez, un pionero que dedicó su vida a lograrlo. Mientras que en los maíces nativos lo importante es la Diversidad, para el mejoramiento genético es la adaptación geográfica y agronómica como veremos y discutiremos en el Simposio, considerando además, la problemática social asociada a razas de maíz nativo.

*ajanhui*, *S. chaucha*, *S. juzepczukii*, *S. tuberosum* ssp. *andigena* y ssp. *tuberosum*). Otra hipótesis sugiere que la domesticación tuvo lugar en una región entre Perú y Bolivia a partir de especies silvestres y las agrupa como una única especie, *S. tuberosum*, con ocho grupos de cultivares. Investigaciones recientes muestran que tanto la hibridación como los cambios epigenéticos inducidos por distintos estreses son fenómenos importantes en la evolución y podrían aportar al esclarecimiento de la taxonomía de las papas.

4

#### EL ORIGEN DE LAS PAPAS CULTIVADAS: NUEVOS APORTES

Masuelli R.W.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza.  
E-mail: rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

La papa común (*Solanum tuberosum* L. ssp. *tuberosum*) es el tercer cultivo alimenticio más importante después del trigo y el arroz, y es ampliamente cultivado y consumido en el mundo. Esta especie cuenta con más de 4.000 variedades de papas nativas y más de 150 especies silvestres relacionadas que crecen a lo largo de la cordillera de los Andes y constituyen un importante reservorio de variabilidad genética de importancia para el mejoramiento. Las papas se agrupan dentro de la sección Petota y su taxonomía es compleja fundamentalmente por hibridación y flujo génico entre y dentro niveles de ploidía, la baja diferenciación cromosómica y la plasticidad fenotípica que le permitieron adaptarse a diferentes ambientes. El origen de las papas cultivadas está en discusión y se han propuesto básicamente dos hipótesis. Una propone que las papas cultivadas se originaron a partir de diversas especies silvestres en diferentes áreas geográficas y reconoce siete especies cultivadas (*S. stenotomum*, *S. phureja*, *S.*



## DESARROLLO DE LA GENÉTICA MÉDICA EN EL NOA

Coordinadora: Carolina Martínez Taibo

1

### DESARROLLO DE LOS SERVICIOS DE GENÉTICA MÉDICA EN TUCUMÁN 2001-2017

Montanari D<sup>1</sup>. 'Médica Genetista, Master en Epidemiología y Políticas de Salud.

E-mail: dmontanari2002@yahoo.com

En la presente ponencia se realiza la descripción de la evolución histórica de los Servicios de Genética en el Sistema Provincial de Salud (SIPROSA) de la Provincia de Tucumán, desde el año 2001 y hasta la fecha. La red, en la actualidad, se encuentra formada por los Consultorios de Genética de los Hospitales del Niño Jesús, Avellaneda y del Este para atención ambulatoria; el Equipo de Alto Riesgo Fetal del Instituto de Maternidad Ntra. Sra. de las Mercedes desarrolla el trabajo de diagnóstico prenatal, seguimiento y asesoramiento de patologías malformativas y genéticas; Esta red, además de recepcionar las derivaciones de los demás hospitales del sistema (Centro de Salud Zenón Santillán, Padilla, Belascuain, Obarrio y del Carmen), recibe también de las provincias vecinas limítrofes Santiago del Estero y Catamarca. Se hará mención de la atención para diagnóstico y asesoramiento que reciben los pacientes internados en las diversas salas y servicios de nuestros hospitales; la atención de pacientes con genodermatosis; el seguimiento en consultorio de "Enfermedades Raras" y la evaluación de recién nacidos pretérminos en seguimiento. Se describe también el desarrollo del Laboratorio de Citogenética del SIPROSA y las prestaciones que ofrece en la actualidad. Por último, se menciona la articulación de los Servicios de Genética que funcionan a nivel público con el desarrollo de la disciplina en el sector privado.

2

### DIAGNÓSTICO MOLECULAR ONCOLÓGICO DE PATOLOGÍAS TIROIDEAS EN EL HOSPITAL DR. ARTURO OÑATIVIA DE LA PROVINCIA DE SALTA

Tolaba N.N.<sup>1,3</sup>, P. Bazzoni<sup>2,3</sup>, C.M. Moya<sup>1,3</sup>, M. Monteros Alvi<sup>2,3</sup>.

<sup>1</sup>Sector de Biología Molecular; <sup>2</sup>Sector de Anatomía Patológica;

<sup>3</sup>Hospital de Endocrinología y Metabolismo Dr. A. Oñativia, Salta,

Argentina. e-mail: norma\_tolaba@hotmail.com

El laboratorio de Biología Molecular del Hospital Dr. A. Oñativia fue creado con un perfil oncológico, orientado principalmente a patologías tiroideas. El cáncer de tiroides es la neoplasia endocrina más frecuente. Las principales variantes son el Cáncer diferenciado de tiroides (papilar y folicular) y el Cáncer medular de tiroides. La mayoría de nuestros análisis corresponden a cánceres diferenciados de tiroides, cuya incidencia se triplicó en los últimos 30 años. El análisis citológico de la Punción por Aspiración con Aguja Fina (PAAF) de los nódulos tiroideos, es el procedimiento diagnóstico estándar. Sin embargo, entre el 10 y 40% tiene un diagnóstico indeterminado. En estos casos, el análisis molecular puede mejorar el diagnóstico diferencial entre alto y bajo riesgo. Nuestro laboratorio estudia las mutaciones más frecuentes en los genes BRAF, K/H/N-RAS y las fusiones génicas RET/PTC1 y 3, mediante una técnica de diagnóstico basada en *High Resolution Melting* (HRM). Con respecto al Cáncer Medular de Tiroides, puede ocurrir esporádicamente o ser hereditario. Los casos hereditarios se deben a mutaciones activantes en el proto-oncogen RET. En los casos esporádicos estas mutaciones son menos frecuentes en el tejido tumoral. Dado que estas mutaciones se producen en diferentes exones del gen y no posee sitios *hotspot*, la técnica de *High Resolution Melting* resultó útil para su estudio. En nuestro hospital, esta metodología se utiliza rutinariamente y permitió mejorar la precisión diagnóstica preoperatoria, la estratificación del riesgo y la selección de la cirugía apropiada.

3

### APLICACIÓN DE LA CITOGENÉTICA CLÁSICA Y LA HIBRIDACIÓN IN SITU POR FLUORESCENCIA (FISH) EN LA PROVINCIA DE SALTA

Martínez Taibo Carolina<sup>1</sup>. 'Programa de Genética Médica, Hospital "Dr. Arturo Oñativia", Provincia de Salta.

E-mail: cmartineztaibo@yahoo.com.ar

En la provincia de Salta en 1968 se crea el Programa de Genética Médica, el cual funciona hace 49 años brindando asistencia a más de 12.000 familias con sospecha de enfermedades genéticas. Se inicia como Laboratorio de Citogenética y 14 años después, debido a la imperante necesidad de

realizar la evaluación clínica y el asesoramiento de los pacientes analizados citogenéticamente, se añade el Sector de Genética Clínica. El Laboratorio de Citogenética Molecular se incorpora en el año 2010, con la implementación de la Hibridación *In Situ* por Fluorescencia (FISH), técnica que pocos centros públicos del país poseen. Se crea con la finalidad de: a) diagnosticar síndromes genéticos no detectables por citogenética clásica, como Síndrome de Di George, S. de Prader Willi-Angelman, S. de 1p36, S. de Williams, etc.; b) identificar la constitución de anomalías cromosómicas tales como materiales adicionales de origen desconocido, cromosomas marcadores, mosaicismos, etc.; y c) contribuir al diagnóstico, pronóstico y/o tratamiento en leucemias mediante ABL-BCR, AML1-ETO, MLL, etc. Para ello, contamos con un amplio stock de sondas: microdeleciones, pericentroméricas, subteloméricas, pintados cromosómicos, regiones de heterocromatina, RC de Síndrome de Down, gen SRY, AZF. Durante la ponencia se presentarán casos clínicos donde se apreciará cómo la citogenética molecular (FISH) se complementa con la citogenética clásica (cariotipo), para lograr un mayor nivel de resolución en la identificación de desbalances genómicos, y con ello permitir un asesoramiento genético más preciso.

capacitación (proyecto CAPABILITY). Actualmente la unidad de Genética Médica cumple con objetivos asistenciales y docentes; y está conformada por un área clínica y un laboratorio de citogenética. Se evaluaron 2.330 pacientes, en 53% de los casos se llegó a un diagnóstico de certeza, cuyas etiologías fueron: 37% génicas, 29% multifactoriales, 24% cromosómicas, y 10% disruptivas. En los casos complejos, se realizaron interconsultas con centros de mayor complejidad. La actividad docente centrada en la pesquisa y prevención de defectos congénitos, se realiza en distintos puntos de la provincia y en los diferentes niveles de atención. Se realizaron talleres para padres de niños con patologías específicas. Se busca a futuro ampliar las capacidades del laboratorio y dar sostenibilidad al sistema en el tiempo.

4

---

## LOGROS EN GENÉTICA MÉDICA EN LA PROVINCIA DEL CHACO

Dellamea C.A.<sup>1</sup>, C.C. Picón<sup>1</sup>, P.N. Dellamea<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Unidad de Genética Médica, Hospital Pediátrico "A. Castelán", Resistencia, Chaco;

<sup>2</sup>Laboratorio de Citogenética, Hospital Pediátrico "A. Castelán", Resistencia, Chaco.

E-mail: wawacaro@hotmail.com

Chaco se ubica en la región del NEA y presenta una población de un millón ciento treinta mil habitantes (la mitad bajo la línea de pobreza), numerosas comunidades endogámicas, una tasa de mortalidad infantil mayor al promedio nacional (15,2/1000 nacidos vivos), y una prevalencia de anomalías congénitas de 1,7% (valor esperado: 400 nacimientos con anomalías congénitas anuales). El hospital "Avelino Castelán", es el centro de referencia pediátrico de la provincia y presenta un servicio de genética formalizado desde el año 2013. Anteriormente, los profesionales del Chaco incursionaron en el camino de la genética médica utilizando 2 estrategias: la comunicación-referencia (Oficinas de Comunicación a Distancia) y la

## MITOCONDRIAS DE PLANTAS: ROLES E INTERACCIONES

Coordinador: Noemí Colombo

La información genética de la célula vegetal se localiza en tres compartimentos: el núcleo, los cloroplastos y las mitocondrias. La expresión coordinada de los distintos genomas implica la existencia de una red compleja de interacciones entre los mismos, la que asegura la homeostasis celular. Las mitocondrias de las plantas, además de proveer de energía a la célula, intervienen en procesos de desarrollo, en la detección y respuesta a estreses bióticos y abióticos y en la puesta en marcha de los mecanismos de muerte celular programada. En este simposio se tratarán temas vinculados con los roles de las mitocondrias de plantas desde distintas perspectivas, enfatizando la importancia de las interacciones núcleo-citoplásmicas. El objetivo de este Simposio es contribuir a desarrollar en genetistas y mejoradores una visión integral del funcionamiento de los genomas de las plantas. Se presentarán resultados de investigaciones sobre la participación de las mitocondrias en el desarrollo de las plantas y en la evolución de las poblaciones naturales, así como sobre su aprovechamiento en el mejoramiento genético vegetal.

1

## APLICACIÓN DE HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL APROVECHAMIENTO DE SISTEMAS CMS/RF EN EL MEJORAMIENTO VEGETAL

Colombo N.ª. 'Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: colombo.noemi@inta.gob.ar

La androesterilidad citoplásmica (CMS) es una característica que consiste en la imposibilidad de las plantas de producir o dispersar polen funcional. Este carácter, muy difundido entre las plantas superiores, es inducido por genes mitocondriales quiméricos y heredado maternalmente en la mayoría de los casos. Las deficiencias en el desarrollo del polen causadas por los genes mitocondriales son suprimidas por genes nucleares llamados restauradores de la fertilidad (*Rf*), específicos para cada tipo de citoplasma androestéril. Los sistemas CMS/*Rf* constituyen un modelo para el estudio de las interacciones núcleo-citoplásmicas. Si

bien el mecanismo involucrado en la CMS no ha sido develado, se la vincula con la deficiencia energética, la muerte celular programada y las especies reactivas de oxígeno. En cuanto a los genes *Rf*, éstos pueden afectar la expresión de los genes mitocondriales a nivel de ADN, ARN y proteína o intervenir en compensaciones metabólicas. Los sistemas CMS/*Rf* han sido ampliamente utilizados en la producción de híbridos de varias especies para evitar la producción de polen en las líneas madres y garantizar la obtención de semilla F1. En los últimos años se han desarrollado marcadores moleculares asociados a tipos de citoplasma y a los genes restauradores para asistir la selección de líneas androestériles, restauradoras y mantenedoras. En este Simposio se describe la incorporación de estas herramientas en los programas de mejoramiento de maíz, cebolla y petunia del INTA, analizando las metodologías aplicadas y los resultados obtenidos en cada caso.

2

## EL DOMINIO CA DEL COMPLEJO I MITOCONDRIAL ESTÁ IMPLICADO EN LA FOTORRESPIRACIÓN Y ES ESENCIAL PARA LA VIDA DE LAS PLANTAS

Zabaleta E.ª, J.P. Córdobaª, D. Sotoª, F. Marchettiª, M. Fassolariª, G. Pagnussatª. 'Instituto de Investigaciones Biológicas IIB-CONICET-UNMdP.  
E-mail: ezabalet@mdp.edu.ar

El complejo I (NADH deshidrogenasa ubiquinona oxido reductasa) es la principal entrada de electrones desde el metabolismo a la cadena de transporte de electrones, aun si en plantas hay múltiples entradas alternativas. Este complejo presenta en plantas y en Heterokontos (con excepción de Opisthokontos -animales y hongos-) un dominio extra compuesto por trímeros de proteínas con alta similitud a anhidrasas carbónicas de tipo gamma. En *Arabidopsis* existen cinco miembros de esta familia, CA1, CA2, CA3, con casi todos los aminoácidos del sitio activo y dos, CAL1 Y CAL2, con menor conservación. Utilizando mutantes nulas de varias subunidades del complejo I se ha propuesto que este dominio resulta esencial para las primeras etapas del ensamblado de dicho complejo. Asimismo, el estudio de dobles mutante permitió identificar al dominio CA como partícipe importante en el proceso de fotorrespiración, probablemente exportando bicarbonatos de la mitocondria para ser refijados en el cloroplasto. Otras

combinaciones de dobles mutantes muestran total ausencia de complejo I, reforzando la idea de que son esenciales para el ensamblado. Esta situación conduce a una modificación metabólica y acumulación de especies reactivas de oxígeno que desencadenan una letalidad embrionaria. De este modo se concluye que el complejo I de plantas, como en animales, es esencial para la vida.

3

### ANDROESTERILIDAD EN LA EVOLUCIÓN DE POBLACIONES NATURALES DE PLANTAS

Camadro E.L.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>FCA, UNMDP.  
E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

La esterilidad –originalmente definida como cualquier falla completa o parcial de un individuo para producir gametos funcionales en un ambiente dado– puede ser masculina o femenina. En las Angiospermas, la esterilidad masculina (androesterilidad) es la más frecuente. El fenómeno puede deberse a interacciones entre determinantes genéticos nucleares y extranucleares, defectos genotípicos, o segregación cromosómica irregular en la meiosis de híbridos, poliploides o aneuploides. Según el resultado de la interacción de determinantes genéticos nucleares y extranucleares, se reconocen tres categorías de herencia: mendeliana o génica, materna o citoplasmática, y génico-citoplasmática. Las formas que puede tomar la androesterilidad son variadas (ej., malformación o aborto de anteras, inviabilidad del polen por irregularidades en la microsporogénesis, indehiscencia de anteras, protuberancia de pistilos), al igual que la estabilidad en la expresión del carácter. En la naturaleza se origina por mutaciones puntuales, la mayoría recesivas, en poblaciones de plantas autóгамas, y por hibridaciones amplias en poblaciones de plantas alógamas. En plantas con flores hermafroditas promueve la alogamia; eventualmente, puede conducir al ginodioicismo, como transición en la evolución de la bisexualidad al diocismo. En plantas alógamas, constituye una barrera de aislamiento reproductivo parcial o completa entre poblaciones simpátricas, que puede conducir a la divergencia genética y la especiación. Se presentarán ejemplos en orégano y en papas silvestres y cultivadas.

### ESTADO DE LA FARMACOGENÉTICA EN ARGENTINA: IMPLEMENTACIÓN CLÍNICA EN LOS ÁMBITOS PÚBLICO Y PRIVADO

Coordinador: Javier Blanco

### ANÁLISIS DE LA UTILIZACIÓN DE PRUEBAS FARMACOGENÉTICAS EN EL ESTADO DE NUEVA YORK

Blanco J.G.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, The State University of New York at Buffalo.  
E-mail: jgblanco@buffalo.edu

El paradigma de la “medicina personalizada” está en la vanguardia de discusiones sobre el futuro del sistema de salud de los Estados Unidos de América. Se espera que la aplicación generalizada de estrategias farmacogenéticas para guiar terapias farmacológicas contribuya a mejorar los resultados clínicos y reducir costos. Algunas estrategias farmacogenéticas están siendo utilizadas con éxito, como por ejemplo la farmacoterapia con trastuzumab para cáncer de mama que expresa el receptor HER2 y vemurafenib para melanoma con la mutación *BRAFV600E*. Hay una escasez sustancial de estudios centrados en el uso de pruebas farmacogenéticas (pruebas PGx) a nivel poblacional. En esta presentación, se discutirán datos sobre el uso de pruebas PGx en el Estado de Nueva York, el cuarto estado a nivel población de los Estados Unidos. Los resultados están basados en el análisis de la base de datos del “*Statewide Planning and Research Cooperative System*”. Se presentará un análisis longitudinal del uso de 14 pruebas PGx durante los años 2012 a 2016 en 390 sitios clínicos. Los datos sugieren que la utilización de pruebas PGx para distintas indicaciones terapéuticas (por ej. oncología y cardiología) es variada. El uso de pruebas PGx para indicaciones oncológicas es el más prevalente. La utilización anual de pruebas PGx para indicaciones oncológicas se está incrementando, por ejemplo, el número de pruebas PGx para detectar expresión de HER2 para guiar la terapia con trastuzumab aumentó un 42% (Total año 2012: 4.122 pruebas, total año 2016: 5.850 pruebas).

## NODO ARGENTINO DEL HUMAN VARIOME PROJECT: EL COMPROMISO DE COMPARTIR DATOS GENÉTICOS

Coordinadora: Angela Solano

En 2016 fue creado el Nodo Argentino del *Human Variome Project* (HVP), el objetivo de este Simposio es presentarlo en el ámbito científico insuperable que brinda la Sociedad Argentina de Genética. Es un hecho científico trascendente por incluir el concepto de compartir datos (*data sharing*) de variantes genéticas. El HVP es una Organización no Gubernamental Internacional que mantiene relaciones operativas con la UNESCO. De este modo trabaja asegurando que la toda la información de variantes genéticas y sus efectos en salud humana pueda ser recogida, curada, interpretada y compartida libremente y abiertamente. Los retos que plantea la colaboración internacional requieren de un marco de actuación abarcativo, pero a la vez práctico, que reúna a reguladores, financiadores, asociaciones de pacientes, informáticos, industria, editoriales y consorcios de investigación, para compartir unos principios fundamentales relativos al uso compartido de datos y así facilitar una conducta responsable, la cual está asegurada, porque se ha elaborado bajo los auspicios de la Alianza Global para la Genómica y la Salud (GA4GH). Nuestro Primer producto es la Base de datos genómicos en cáncer, aportando más de 16.000 variantes de pacientes de nuestro país, siendo la más grande de América Latina. La base central es la LOVD y tenemos el capítulo Argentino.

1

### DESCRIBING SEQUENCE VARIANTS USING THE HGVS NOMENCLATURE STANDARD

den Dunnen J.T.'. 'Clinical Genetics & Human Genetics, Leiden University Medical Center (LUMC), Leiden, Nederland.  
E-mail: ddunnen@humgen.nl

The consistent and unambiguous description of sequence variants is essential to report and exchange information derived from a genetic analysis. DNA diagnostics critically depends on the accurate and standardized description of all variants found in an analysis, DNA, RNA and protein. The sequence variant nomenclature system proposed in 2000 by the HGVS (Human Genome Variation Society) has now been widely adopted and developed into an internationally accepted standard. The

recommendations are operated under the auspices of three international organizations: the Human Genome Variation Society (HGVS), the Human Variome Project (HVP), and the Human Genome Organization (HUGO) and recommended by the International Rare Diseases Research Consortium (IRDiRC). Requests for modification/extension of the recommendations are commissioned through the Sequence Variant Description Working Group (SVD-WG), which follows a standard procedure including a final Community Consultation step. Version numbers are assigned to the nomenclature system to allow users to specify the version used in their variant descriptions. I will stress the importance of using standard variant descriptions, summarise the current recommendations (HGVS version 15.11) and briefly discuss the changes/additions that made most recently. An extensive version of the recommendations is available online, at <https://www.HGVS.org/varnomen>.

2

### HUMAN VARIOME PROJECT: ÉTICA DE LA PREVENCIÓN

Giorgiutti E.M.P.'. 'GENMEDICA, Albarellos 2087, Martínez, Buenos Aires.  
E-mail: empgiorgiutti@gmail.com

Una mirada histórica sobre los acontecimientos ocurridos en el terreno de la ciencia nos permite muchas veces comprender el por qué, y el para qué de resortes que el investigador necesita manejar y dominar en los días actuales. Nadie discute hoy, en los estrados de la ciencia, que la ética debe ocupar un lugar de trascendencia en el manejo de procedimientos e información. No sólo de aquellas cuestiones inherentes al respeto por la persona, sino también las relativas a la privacidad de la información y de los datos biológicos. El documento denominado “Marco de Actuación para el Uso Compartido Responsable de Datos Genómicos y Relativos a la Salud” constituye una valiosa guía operativa para los distintos actores que integran la “Alianza Global para Genómica y Salud”. En la Declaración Universal sobre el Genoma Humano y los Derechos Humanos a la que la República Argentina ha adherido, y que este Marco de Actuación cita en primer término, se consignan explícitamente los asuntos relativos a la dignidad humana y el genoma humano, los derechos de las personas interesadas, y también los aspectos

relacionados con las investigaciones sobre el genoma humano, incluyendo los relativos a la solidaridad internacional. Desde una mirada ética nos debemos preguntar ¿en qué consiste la dignidad humana?, ¿cuáles son los derechos de las personas? y ¿cuáles las cuestiones éticas que atañen a la solidaridad y cooperación internacional?

3

### LA PERSPECTIVA DESDE LA GENÉTICA CLÍNICA

Mampel A.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, Hospital Universitario, UNCuyo, COIR (Centro Oncológico de Integración Regional).  
E-mail: mampelalejandra@gmail.com

El Asesoramiento Genético Oncológico es una herramienta de gran valor para el paciente, su familia y los médicos tratantes, ya que brinda información ante la presunción de un síndrome de cáncer hereditario. Este proceso debe incluir una detallada anamnesis de los antecedentes familiares con especial énfasis en la identificación de neoplasias en el probando y su familia. De esta manera se propone lograr una correcta estimación del riesgo a enfermar, el diagnóstico presuntivo, la posibilidad de ser portador de una mutación patogénica relacionada al cuadro que padece y la pertinencia para solicitar estudios moleculares. Por lo tanto, la identificación de un paciente con alto riesgo para cáncer hereditario y la aplicación de estudios genéticos moleculares permiten identificar pacientes y familias con formas hereditarias de cáncer, así como descartar este diagnóstico en individuos con alto riesgo familiar. Es fundamental para optimizar esta evaluación la incorporación de registros de las variantes patogénicas, sin significancia clínica y de significado clínico incierto de nuestra población, para de esta manera, poder identificar aquellos individuos y/o familias de alto, moderado y bajo riesgo. Es indudable que la incorporación del Asesoramiento Genético Oncológico optimiza el manejo de este grupo de pacientes permitiendo una correcta toma de decisiones, establecer medidas de seguimiento, prevención y reducción de riesgo adecuadas para cada caso.

### DOMESTICACIÓN DE FORRAJERAS NATIVAS

Coordinador: Mario Hugo Urbani

La domesticación se refiere a los cambios genéticos producidos en plantas bajo cultivo. La relación entre algunas plantas y el hombre ha sido tan estrecha, que en muchos casos los cultivos han perdido la capacidad de multiplicarse por sí mismos y necesitan de forma imprescindible que el hombre los siembre para poder sobrevivir. Lo importante en la domesticación de una especie es el hecho de pasar de un estado silvestre, con dificultades para su manipulación, a una especie cultivada, manejable; y con relación a las forrajeras nativas esta acción se vincula particularmente con la producción y manipulación de sus semillas y el hecho de pasar a constituir una pastura monofítica. Los recursos forrajeros nativos constituyen la fuente de sustento casi exclusiva de los herbívoros domésticos, al menos de los sistemas productivos argentinos extra pampeanos. En este simposio se tratarán algunos casos de trabajos fitogenéticos en *Poa ligularis* para ambientes restrictivos de áreas medanosas, como así también de *Trichloris crinita*, especie nativa de la región semiárida chaqueña. En el nordeste argentino los recursos forrajeros nativos de esa región descansan fundamentalmente en especies de *Paspalum*. Por ello se tratarán algunos casos particulares de mejora genética de este género. La utilización de leguminosas indígenas en los programas de mejoramiento genético es muy incipiente en el país. En este sentido se presentarán algunos casos interesantes, referidos a la introducción al cultivo de especies nativas de los géneros *Macroptilium* y *Desmanthus*, y de otras especies de interés.

1

### *Paspalum*: UN GÉNERO CON NUMEROSAS ESPECIES DE GRAN POTENCIAL FORRAJERO PERO CON POCAS BAJO CULTIVO

Urbani M.H<sup>1</sup>, C.L. Quarin<sup>1</sup>. <sup>1</sup>FCA, IBONE, UNNE, CONICET.  
E-mail: urbani@agr.unne.edu.ar

*Paspalum* es un género de gramíneas distribuido en diferentes ecosistemas de América, siendo particularmente abundante en Brasil, este de Bolivia, norte de Argentina y Paraguay. La mayoría de sus especies son perennes y constituyen la base de la

alimentación del ganado en los campos naturales de esa región. Sin embargo, apenas una docena de las más de 330 especies del género se han llevado a cultivo para uso forrajero. Con excepción del cultivo de *P. notatum* en el sur de USA, y a pesar de su potencial como forrajeras, la extensión cultivada con variedades de estas especies no es muy importante en el resto del mundo, incluido el subtrópico argentino. Tal vez aquí, una de las causas sea la escasa oferta de semillas y la poca información disponible para productores sobre cultivares existentes. La apomixis es el sistema reproductivo predominante en el género, lo que significa un escollo para el mejoramiento genético por métodos tradicionales. Décadas de investigación sobre apomixis y sobre otros aspectos biológicos de especies de *Paspalum* abrieron caminos para sortear este obstáculo para la transferencia de genes con fines de mejoramiento. En la FCA de la UNNE se desarrollaron tres cultivares apomícticos de *Paspalum* mediante diferentes estrategias: el cv. Cambá FCA (*P. atratum*) y el cv. Chané FCA (*P. guenoarum*), fueron logrados mediante selección de genotipos naturales, mientras que el cv. Boyero UNNE (*P. notatum*) fue obtenido mediante cruzamientos intraespecíficos y posterior selección, constituyendo así el primer cultivar de *Paspalum* logrado por este método.

2

## PRODUCTIVIDAD FORRAJERA DE POBLACIONES DE *Trichloris crinita* EVALUADAS EN JARDINES COMUNES DEL CENTRO-NOROESTE ARGENTINO

Quiroga R.E.<sup>1</sup>, P.R. Namur<sup>2</sup>, M.A. Ruiz<sup>3</sup>, G.N. Chilo<sup>4</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Catamarca; <sup>2</sup>INTA EEA La Rioja; <sup>3</sup>INTA EEA La Pampa; <sup>4</sup>INTA EEA Salta.

E-mail: quiroga.raul@inta.gob.ar

Los pastizales del Centro-NO del país se encuentran en distintos niveles de degradación a causa del sobrepastoreo. Con el propósito de encontrar materiales vegetales que puedan contribuir a la recuperación forrajera de dichos ambientes, se vienen evaluando 11 poblaciones de la gramínea nativa *Trichloris crinita* (provenientes de sitios con diferentes condiciones ambientales) en jardines comunes establecidos a lo largo de la región. Entre 2011-2013 se establecieron 4 jardines comunes en las estaciones experimentales de INTA La Pampa, La Rioja, Catamarca y Salta. En cada uno, las poblaciones se implantaron bajo un DBCA (3 bloques; tamaño

de parcela= 2 m<sup>2</sup>; 8 plantas por parcela, distancia entre plantas= 0,5m). Se midió anualmente la productividad de forraje (3-6 años según el sitio) mediante corte a 10 cm de altura. La productividad forrajera promedio de los años de evaluación (g/m<sup>2</sup>) se analizó mediante modelos mixtos, considerando como factores de efecto fijo “jardín común”, “población” y su interacción; y como factor de efecto aleatorio “bloque” (anidado en jardín común). Se encontró interacción significativa “población x jardín común” (p<0,0001). Lo que indica que el “ranking” de productividad de las poblaciones varió entre jardines. La productividad forrajera promedio de las poblaciones varió entre 224-512 g/m<sup>2</sup> en La Pampa, 176-388 g/m<sup>2</sup> en La Rioja, 320-512 g/m<sup>2</sup> en Catamarca y 132-448 g/m<sup>2</sup> en Salta. Las diferencias en adaptación de las poblaciones ante distintos ambientes puede ser un aspecto importante para el uso de la especie en restauración o programas de mejoramiento.

3

## DOMESTICACIÓN DE *Poa ligularis*: UN DESAFÍO TECNOLÓGICO CON ETAPAS COMPLEJAS PARA LOGRAR UN CULTIVAR ADAPTADO AL CULTIVO

Rimieri P. Asesor/Docente.

E-mail: primieri73o@gmail.com

El espacio temporal entre comunidades silvestres de especies forrajeras nativas del área medanosa con pastizales e isletas de chañar (San Luis, Argentina) y un cultivo monofítico estable está lleno de desafíos tecnológicos. Primero, porque esas especies están co-adaptadas al pastoreo de guanacos y ciervos y requieren un manejo agronómico riguroso con bovinos y ovinos. Segundo, porque sus “semillas” no son de fácil distribución y siembra con máquinas convencionales. Y tercero, porque los potreros sembrados con forrajeras nativas como pasturas monofíticas o de intersiembra en pastizales, desarrollan comunidades secundarias que alcanzan el equilibrio antes que el cultivo puro. Además de desarrollar en detalle esos tres puntos para *P. ligularis* Nees ex Steud., especie dioica de excelente poder reproductivo y germinación de sus antecios, ecológicamente clasificada como “creciente” y desde el punto de vista utilitario como “deseable”. Se complementará la información con la variabilidad y plasticidad de las poblaciones recolectadas y seleccionadas, las que fueron la base de la selección

para estabilizarlas e inscribirlas como cultivares. Se inscribió el primer cultivar nativo de una forrajera para la mencionada región fitogeográfica, *Mercedina INTA*, que fue evaluado en cultivo monofítico y en intersembras, en ensayos y en grandes potreros de pastizales del área medanosa mencionada con manejo de cría y recría vacuna. Se presentará el impacto productivo de *Mercedina INTA* en comparación con pastizales naturales y especies introducidas de los géneros *Eragrostis* y *Digitaria*.

4

---

## INTRODUCCIÓN A CULTIVO DE LEGUMINOSAS FORRAJERAS NATIVAS

Pensiero J.F.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral.

E-mail: jfpensi@fea.unl.edu.ar

La familia Leguminosae o Fabaceae, con cerca de 19.300 especies, es una de las más numerosas del Reino Vegetal. Es ampliamente conocida la participación que tienen sus representantes en la fijación biológica del nitrógeno atmosférico, siendo muchas de sus especies importantes forrajeras cultivadas en todo el mundo. En Argentina habitan 732 especies, muchas de ellas importantes forrajeras nativas que integran nuestros pastizales. En el marco del Programa de Interés Institucional de la Universidad Nacional del Litoral, relacionado con la “Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa”, con asiento en la Facultad de Ciencias Agrarias, se desarrollan acciones tendientes a introducir a cultivo especies nativas de leguminosas forrajeras. En relación con esto se presentan tres nuevos cultivares, dos correspondientes a especies del género *Macroptilium* y el otro al género *Desmanthus*. Se comentan, además, otras especies forrajeras valiosas que deberían priorizarse para ser introducidas a cultivo.



**TALLER**



---

## TALLER GENÉTICA CLÍNICA

---

### DIAGNÓSTICO PRENATAL

Coco R.'. 'Fecunditas Instituto de Medicina Reproductiva afiliado a la UBA.

E-mail: robercoco@gmail.com

Existen diferentes posibilidades de diagnóstico prenatal, tanto pre como post conceptualmente. El asesoramiento genético en la primera mitad del siglo XX fue esencialmente eugénico y existieron leyes que permitieron la esterilización de personas portadoras de mayor riesgo de descendencia con taras genéticas. En 1959 se describe que el Síndrome de Down se debía a una trisomía del cromosoma 21 y en 1966 se practica la primera amniocentesis para estudio cromosómico. Entre fines de la década de los 70 y principio de los 80, se introduce la ecografía en tiempo real, la cual cada vez más fue adquiriendo importancia en el seguimiento del embarazo. En 1978 nace la primera bebé de probeta y en el 1989 se realiza el primer diagnóstico preimplantatorio. Todos estos cambios ocurridos en 50 años fueron acompañados por los avances tecnológicos de la genética, sobre todo a nivel molecular. Estos cambios sin lugar a dudas son los responsables del giro que está tomando la medicina reproductiva hacia una medicina predictiva o defensiva, por lo que los diferentes diagnósticos prenatales juegan un rol fundamental para satisfacer los derechos reproductivos de cada uno. En la actualidad el asesoramiento genético les permite a las personas, de acuerdo a sus valores y posibilidad, ejercer a pleno sus derechos reproductivos, acudiendo a las diferentes posibilidades de estudios preconceptionales, preimplantatorios o prenatales existentes.

---

### APLICACIÓN DE CITOGENÉTICA CLÁSICA Y MOLECULAR: CARACTERIZACIÓN DE PRUEBAS PARA EVALUACIÓN Y DIAGNÓSTICO CORRELACIONADOS A PATOLOGÍA GENÉTICA

del Rey G.'. 'Centro de Investigaciones Endocrinológicas CEDIE-CONICET "Dr. César Bergadá", FEI, Hospital de Niños "Ricardo Gutiérrez" Buenos Aires, Argentina.

E-mail: graciadelrey@cedie.org.ar

La Citogenética es una rama de la Genética Médica aplicada al estudio de anomalías de los cromosomas humanos y su correlación con patologías genéticas. Las aberraciones cromosómicas se detectan en 0,6% de RN y son responsables de hallazgos fenotípicos variables. Un 20% de AC-autosómicas se presentan en pacientes con anomalías congénitas múltiples, retardo mental, dishabilidad intelectual y anomalías del espectro autista. Una frecuencia mayor de AC-sexuales se asocia con alteraciones del crecimiento, desarrollo y desórdenes de la diferenciación sexual. Las AC corresponden a alteraciones numéricas, estructurales balanceadas y desbalanceadas, desórdenes genómicos recurrentes submicroscópicos, crípticas o cambios intragénicos en el número de copias, llevando éstas a definir nuevas clases de reordenamiento a nivel del genoma. En citogenética clásica el análisis de la mayoría de las AC es por cariotipo de cromosomas en metafase y digestión enzimática con tripsina-Giemsa o alta resolución de cromosomas prometáfásicos. La limitación es la baja resolución analítica de bandas-G. Se complementa con técnicas citogenéticas moleculares de hibridización *in situ* fluorescente (FISH) que permiten el mapeo de genes en regiones específicas y por microarrays. Con análisis de array de hibridización genómica comparativa (aCGH) con oligonucleótidos de DNA o polimorfismos de simple nucleótido (SNP), se logra un mayor nivel de resolución en la identificación de desbalances genómicos indetectables al microscopio en cromosomas con bandeado-G, evolucionando así la citogenética clínica a la citogenómica.





# FORO



---

## FORO: GENÉTICA HUMANA

---

---

### RESPONSABILIDAD MÉDICA EN REPRODUCCIÓN MÉDICAMENTE ASISTIDA (RA)

Coco R.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Fecunditas, Instituto de Medicina Reproductiva afiliado a la UBA.

E-mail: robercoco@gmail.com

La reproducción no asistida es por coito, mientras que en la RA interviene un grupo de profesionales que ayuda en la procreación. Los que acuden no siempre son infértiles, pueden ser personas que desean preservar gametos para paternidad diferida, seropositivas de enfermedades virales, mujeres altamente sensibilizadas con anticuerpos RhD, personas con riesgo genético aumentado, personas solas o parejas de homosexuales, transexuales, etcétera. La tercerización del acto procreativo con gametos propios, de donantes, o con la participación de gestantes, exige una mayor responsabilidad médica. Además de la experticia, se debe brindar toda la información actualizada de los pro y contras del proceso. Toda esa información no puede reducirse a un simple formato escrito, que seguro es necesario pero no garantiza que el proceso del consentimiento haya sido el correcto. Se debe brindar información y responder dudas en cada una de las etapas del procedimiento. Una cosa es la legalidad del consentimiento y bien distinta la legitimidad del mismo, que tiene que ver con cómo se brinda la información y cómo se responde las dudas, con lenguaje sencillo, entendible y sin coerción para que los interesados puedan expresar sus decisiones libremente, luego de evaluar los beneficios y riesgos. En Argentina tenemos ley de cobertura de RA pero no aún la ley especial regulatoria y al no existir los estándares de las prácticas por parte de las instituciones, el no cumplimiento de la información disponible puede constituir falta de responsabilidad médica.

---

### DONACIÓN DE GAMETAS: ASPECTOS ÉTICOS

Giorgiutti E.M.P.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>GENMEDICA, Albarellos 2087, Martínez, Buenos Aires.

E-mail: empgiorgiutti@gmail.com

Numerosos factores han incidido, de manera protagónica, en la historia reciente de las aplicaciones técnicas vinculadas con la medicina de nuestro tiempo. El fenómeno de la globalización ha sido testigo de un refinamiento considerable de la tecnología, y de la biotecnología a nivel mundial. La posibilidad de producir y dejar descendencia en el ámbito de nuestra especie, es una ambición legítima de los seres humanos. Las dificultades para concebir que podemos incluir -entre otros- los conceptos de infertilidad y esterilidad, son limitaciones que frecuentemente destruyen las ilusiones más genuinas de hombres y mujeres. La reproducción asistida incluye una serie de técnicas desarrolladas para modificar estas limitaciones, por lo menos en alguna proporción. Una de estas técnicas que mayor auge ha cobrado en los últimos tiempos es la donación de gametas. La ovodonación, como así también la donación de semen, se han constituido en aliados ineludibles del médico especialista en reproducción. Los aspectos éticos, que en este tema merecen una reflexión, incluyen dos ítems medulares: el primer asunto es el del respeto por la dignidad del hombre; y el segundo -relacionado con el primero- es el de la equitativa distribución de los bienes disponibles. Nuestra reflexión de hoy se vincula con el primer concepto: el de la valoración ética de la dignidad del ser humano desde la mirada del donante, del receptor y del hijo.







# ESPACIO JÓVEN



## ESPACIO JÓVEN DE LICENCIADOS EN GENÉTICA

1

**ANÁLISIS GENÉTICO DE POBLACIONES NATURALES DEL INSECTO PLAGA *Nezara viridula* (Hemiptera: Pentatomidae)**

Cuczuk M.I.<sup>1</sup>, B.A. García<sup>1</sup>, A.R. Pérez de Rosas<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INICSA, CONICET y Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

E-mail: taticuczuk@yahoo.com.ar

Con el propósito de estudiar la estructura genética y filogeografía de *Nezara viridula* (Hemiptera: Pentatomidae), se analizó un fragmento de 718 pares de bases del gen mitocondrial citocromo oxidasa I en 98 individuos capturados en 10 localidades de Argentina. En las poblaciones de cultivos de soja se observó un solo haplotipo, mientras que en las muestras de un cultivo mixto y de un cultivo de maní se observaron haplotipos exclusivos en baja frecuencia. Es probable que durante la intensa exposición a insecticidas que caracteriza a los cultivos de soja se eliminaran con mayor rapidez aquellos haplotipos que se encuentran en muy baja frecuencia. La red filogenética y los análisis de eventos demográficos sugirieron expansión poblacional para las muestras colectadas en el cultivo mixto y en el cultivo de maní. Es posible que estas poblaciones, capturadas en cultivos con menor requerimiento de insecticidas, hubieran atravesado por una reciente expansión poblacional y que los niveles de flujo génico y el tiempo transcurrido no fueron suficientes para que los haplotipos exclusivos se dispersaran al resto de las poblaciones. En el análisis comparativo con secuencias de otros países, la red de haplotipos reveló que el haplotipo de África se separó por numerosos pasos mutacionales y presentó una disposición basal en el árbol filogenético. Además, los haplotipos de Europa y los de Sudamérica conformaron un haplogrupo. Estos resultados concuerdan con estudios previos que sugieren un origen africano de *N. viridula* y una colonización desde Europa hacia las costas de Sudamérica.

2

**DINÁMICA DE PARÁMETROS GENÉTICO-POBLACIONALES DE *Apis mellifera* Y SUS PRINCIPALES PATÓGENOS**

Muntaabski I.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética de Insectos de Importancia Económica, Instituto de Genética "Ewald A Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

E-mail: imuntaabski@gmail.com

*Apis mellifera* es el principal polinizador de cultivos y constituye el mayor productor de miel del mundo. La productividad y supervivencia de sus colonias se ven afectadas principalmente por el ácaro *Varroa destructor*, el Virus de las Alas Deformadas (DWV) y *Nosema* sp. Utilizando como base el concepto de una colmena dinámica, en el presente trabajo se analizó la interacción temporal entre *A. mellifera* y sus principales patógenos desde un enfoque genético-poblacional. Mediante el análisis genético de las colonias de abejas con el marcador COI-COII se evidenció la presencia de los haplotipos C1 y C2J. Las poblaciones de *V. destructor* evaluadas con el marcador COI mostraron haplotipo K y el análisis de otras regiones del ADN mitocondrial permitió identificar 17 cambios puntuales en 3.337 nucleótidos. En el caso de *Nosema* sp. se identificó la presencia de *N. apis* y *N. ceranae* con los marcadores 16s rRNA y RdRp II, con alta incidencia de infecciones mixtas. Se evaluó la dinámica temporal de la población de abejas y la prevalencia de sus patógenos durante tres temporadas. Se halló una asociación positiva significativa entre las cargas del virus de *Nosema* sp. y de *V. destructor*, con mayor prevalencia en verano, y un efecto negativo sobre el estado poblacional de las colonias. La información generada muestra la importancia del análisis de los factores que impactan sobre el estatus sanitario de las colonias de abejas y brinda herramientas aplicables al manejo sustentable de colmenas y de control no contaminante de sus patógenos.

3

### CARACTERIZACIÓN CROMOSÓMICA Y REPRODUCTIVA DE GERMOPLASMA DE *Paspalum* L. CON DIFERENTES NIVELES DE PLOIDÍA (Paspaleae, Panicoideae, Poaceae)

Perichon M.C.<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, IBS nodo Posadas (UNaM-CONICET).

E-mail: constanzaperichon@gmail.com

En *Paspalum* las especies diploides son sexuales, en cambio la poliploidía se asocia tanto con reproducción sexual como apomítica. El objetivo fue caracterizar parte del sistema genético de tres especies del norte de Argentina. Los cromosomas mitóticos se analizaron con tinción clásica de Feulgen, la meiosis se estudió con carmín acético al 2% y la compatibilidad polen-pistilo con azul de anilina al 0,1%. La producción de semillas se analizó bajo condiciones de polinización abierta y cerrada. *P. unispicatum* (Scribn. & Merr.) Nash, presenta citotipos diploides, tetraploides y triploides. Por primera vez se describe la microsporogénesis del citotipo triploide ( $2n=3x=30$ ), que resultó irregular, con formación de univalentes y multivalentes en diacinesis y metafase I, donde la asociación más frecuente fue 5I+7II+3III+1IV. Presentó baja viabilidad del polen (VP= 31%) pero alta producción de semillas en condiciones de autopolinización y polinización abierta, esto permite inferir reproducción apomítica. El polen viable germina y crece en los estigmas indicando que se trata de triploides autocompatibles. *P. buckleyanum* Vasey presenta citotipos diploides sexuales, tetraploides y pentaploides apomíticos. Las plantas poliploides ( $2n=4x=40$  y  $2n=5x=50$ ) estudiadas produjeron menos semillas en condiciones de autopolinización que en polinización abierta, y elevada VP indicando que se trata de poliploides apomíticos autocompatibles. *P. vaginatum* Sw. posee registros cromosómicos de  $2n=20$  casi exclusivamente. Se presenta por primera vez el citotipo tetraploide de esta especie ( $2n=4x=40$ ).

4

### OBTENCIÓN DE REGIONES MICROSATÉLITES PARA LA GENOTIPIFICACIÓN DE *Cuniculus paca*

Roldán Gallardo F.F.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GIGA, Departamento de Genética, FCEQyN, Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM-CONICET).

E-mail: francoroldan.o55@gmail.com

El Bosque Atlántico es reconocido como uno de los 25 *hotspots* de biodiversidad en todo el mundo. Una subdivisión de este ecosistema, conocida como Selva Paranaense, ocupa una superficie de 825.000 km<sup>2</sup> en el noreste de Argentina, Paraguay y el sureste de Brasil. *Cuniculus paca* es un roedor perteneciente a la familia Cuniculidae con una amplia distribución en América Central y del Sur. Es presa de numerosos carnívoros, aunque también es blanco de la caza furtiva. Comprender su distribución y abundancia relativa podría contribuir a mejorar las estrategias de su conservación e indirectamente de los carnívoros que dependen de ellos. Así, se hace necesario identificar a nivel individual muestras de *C. paca*; sin embargo, no se han ensayado por ejemplo, sistemas de identificación individuo específico mediante microsatélites en esta especie. El objetivo de este trabajo fue probar un enfoque alternativo mediante el cual se ensayaron 20 pares de cebadores heterólogos desarrollados para *Hydrochoerus hydrochaeris* y *Cavia porcellus*, pertenecientes a la misma superfamilia que *C. paca*. A partir de muestras de sangre de individuos en cautiverio se realizaron ensayos iniciales y se incluyeron, además, muestras de saliva y de heces para evaluar la eficacia del cebador en rastros forenses. En total, 13 marcadores de microsatélites amplificaron en sangre y parcialmente en saliva y heces. Estos resultados sugieren que dichos cebadores pueden ser de utilidad para la tipificación individual de *paca* representando los primeros ensayos de obtención de regiones microsatélites en *C. paca*.

5

## ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DE TRUJILLO, PERÚ, A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES DEL CROMOSOMA Y

Sala C.<sup>1</sup>, P. Paz<sup>1</sup>, L.S. Jurado Medina<sup>1</sup>, M. Schwab<sup>1</sup>, J.M.B. Motti<sup>2</sup>, E. Aquilano<sup>1</sup>, M. Cuello<sup>1</sup>, M.R. Santos<sup>1</sup>, E. Martin Alva<sup>3</sup>, M. Mejía Porturas<sup>3</sup>, C.A. León Torres<sup>4</sup>, F. Di Roco<sup>5</sup>, C.M. Bravi<sup>1</sup>, G. Bailliet<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular Poblacional Humana, IMBICE (CCT-La Plata CONICET, CICPBA, UNLP), La Plata, Argentina; <sup>2</sup>Núcleo de Estudios Interdisciplinarios sobre Poblaciones Humanas de Patagonia Austral, Lab. de Ecología Evolutiva Humana, UNICEN; <sup>3</sup>Laboratorio Libertad, Trujillo, Perú; <sup>4</sup>Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo, Perú; <sup>5</sup>Laboratorio de Genética Molecular, IMBICE (CCT-La Plata CONICET, CICPBA, UNLP), La Plata, Argentina.  
E-mail: camilasala@outlook.com

El actual territorio de Trujillo, en el Norte de Perú, fue ocupado por diversas culturas precolombinas a lo largo de la historia hasta la llegada de los conquistadores europeos en el siglo XVI. Durante el período colonial se produjo la inmigración de europeos, predominantemente españoles y esclavos africanos. Después de la independencia política, la inmigración de mayor importancia provino de China, en la segunda mitad del siglo XIX. Los inmigrantes se radicaron en haciendas y ciudades de la Costa. Durante el siglo XX, se produjeron migraciones internas hacia la Costa y las grandes ciudades y la inmigración de italianos y japoneses. Para realizar el presente trabajo, se partió de 101 muestras de donantes voluntarios varones no emparentados residentes en la ciudad de Trujillo. Se analizaron los linajes paternos a través de la región no recombinante del cromosoma Y. Se recurrió a un método de amplificación alelo-específica para la identificación de un total de 17 marcadores bialélicos (SNPs) que determinan haplogrupos autóctonos y alóctonos para América en reacciones PCR-AFLP multiplex. Tal como se esperaba, esta población presenta una ancestralidad predominantemente nativa. El haplogrupo más frecuente fue Q, autóctono del continente americano, hallado en el 46,6% de las muestras. La población de Trujillo cuenta además con una alta influencia de linajes europeos, representada en su mayoría por el haplogrupo R (25,8% de las observaciones). También se hallaron cromosomas Y asociados a haplogrupos característicos de otras regiones de Europa y Asia (E, F, G, I, J y K).

6

## BANCO DE REPOSICIÓN DE CÉLULAS MADRES DE SANGRE DE CORDÓN UMBILICAL

Virginia Tahan L.I.C.<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>University of Utah, USA; <sup>2</sup>Universidad de Morón, Argentina  
E-mail: vickytahan@gmail.com

En las décadas pasadas, la Sangre de Cordón Umbilical humana (UCB) ha sido considerada como una fuente alternativa a la terapia y trasplante de Médula Ósea (MO) por sus componentes hematopoyéticos y mesenquimáticos, resaltando también, que son menos aloreactivas con respecto a las células de MO. Es por ello que en la actualidad existe una creciente solicitud de muestras de MNC-UCB destinadas a investigar posibles tratamientos y/o curas de diversas enfermedades, superponiéndose a su vez, con la progresiva demanda de muestras de UCB para usos terapéuticos a pacientes. Previamente a este proyecto, las muestras de UCB obtenidas con un volumen menor a 50 cc se desechaban, siendo consideradas “inseguras” por el NCBI de los Estados Unidos. Correspondiente a la gran cantidad de muestras con Cantidades Insuficientes de UCB (QNS-UCB) se ha iniciado un proyecto piloto en los Laboratorios de CTF de la Universidad de Utah para retener las muestras de células madres y progenitoras con el objetivo de establecer un Banco de Reposición de Células Madres, únicamente aptas para emplearlas en investigaciones científicas. Por consiguiente, se aislaron las MNC-UCB bajo el método de simple capa y se propuso cuantificar y analizar la viabilidad de las muestras criopreservadas en nitrógeno gaseoso de QNS-UCB luego de descongelarlas, como también verificar la cantidad de CD34+ que se recuperaban. Los resultados de la observación de las CFUs fueron prometedores al igual que los análisis anteriores, concluyendo que las QNS-UCB son seguras y eficaces para implementarlas en investigaciones científicas.

## ESPACIO JÓVEN DE RECIENTES DOCTORES

1

### TRANSFERENCIA GÉNICA DESDE ESPECIES TETRAPLOIDES (4X) APOMÍCTICAS HACIA HÍBRIDOS 4X SEXUALES DE ORIGEN EXPERIMENTAL EN EL GRUPO PLICATULA DE *Paspalum*

Novo P.E.<sup>1</sup>, F. Espinoza<sup>1</sup>, C.L. Quarín<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina.  
E-mail: patriciaenovo@gmail.com

El grupo cuenta con unas 30 especies. Hay tetraploides (4x) y multiploides con citotipos co-específicos 2x, 4x, y raros 3x o 6x. Los 2x son sexuales mientras los poliploides conocidos, usualmente 4x, son apomícticos. Contamos con 2 genotipos 4x sexuales (4PT y 7PT) de *P. plicatum* originados por duplicación cromosómica de un 2x. El objetivo fue crear una población sintética de reproducción sexual que contenga genes de varias especies 4x apomícticas, excepto los de la apomixis. Con 4PT y 7PT como madres se hicieron 21 combinaciones de cruzamientos, involucrando a 21 genotipos 4x apomícticos de 13 especies distintas. Se polinizaron 7.962 espiguillas y se lograron 238 descendientes en 15 de las 21 combinaciones y 9 especies, con variable grado de cruzabilidad. De acuerdo al fenotipo y al análisis con RAPDs las plantas obtenidas fueron híbridos F<sub>1</sub>. Mediante citometría de flujo se clasificaron los híbridos en sexuales o apomícticos. El análisis de la meiosis indicó que las especies intervinientes son autopoloides o alopoloides segmentarios; que existe un grado variable pero importante de homología entre sus genomas lo que sugiere posibilidad de transferencia génica sustentada también en la capacidad de los híbridos de producir semilla. Se seleccionaron por vigor y fertilidad 50 híbridos sexuales de 9 familias que involucraban a 5 especies para un policruzamiento que dio origen a la población sintética sexual 4x (SSTP) de 600 plantas. Una selección rigurosa por características agronómicas reducirá esta SSTP a 20-30 plantas para actuar de madres en programas de mejoramiento.

2

### ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO DE POBLACIONES DEL VECTOR DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS *Triatoma infestans* EN ARGENTINA

Fernández C.J.<sup>1</sup>, B.A. García<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INICSA, CONICET y Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.  
E-mail: cjudithfernandez@gmail.com

Con el propósito de estudiar la estructura genética con un enfoque filogeográfico de poblaciones de *Triatoma infestans*, se analizaron 983 pb del gen mitocondrial ND5 y 481 pb del gen nuclear FE-1a en 181 individuos procedentes de Argentina y Bolivia. A partir de los datos del gen ND5, se distinguieron cuatro haplogrupos espacialmente circunscriptos. Dos de ellos, coincidentemente con lo obtenido a partir del gen FE-1a, se encuentran en Bolivia y en Morajú (Santa Fe, Argentina). Sin embargo, los haplogrupos más representativos de esos genes no mostraron correlación con la distribución geográfica y presentaron un patrón de topología estrellada que podría corresponderse con una expansión demográfica relativamente reciente en Argentina. Por otra parte, los resultados obtenidos a partir del análisis de poblaciones de ambos países son congruentes con los grupos alopatricos, andino y no andino, descriptos para *T. infestans*. Contrariamente a lo esperado para un grupo ancestral, los haplotipos de Bolivia no fueron basales en los árboles filogenéticos y en las redes se ubicaron en posiciones periféricas. Estas evidencias no apoyarían la hipótesis del origen andino de *T. infestans*. A este respecto, el flujo génico histórico asimétrico desde la población de Morajú, ubicada en la zona fitogeográfica del Chaco, hacia Bolivia apoyaría la hipótesis que postula el origen chaqueño de la especie. El elevado número de pasos mutacionales que separan la población de Morajú, indica que se trataría de una población relictual que se habría mantenido aislada desde los últimos períodos de glaciación.

3

### CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA Y DETECCIÓN DE QTLs ASOCIADOS A LA VIDA POSCOSECHA Y CALIDAD DE LOS FRUTOS EN UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE

Cambiaso V.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, IICAR - UNR/CONICET.  
E-mail: cambiaso@iicar-conicet.gob.ar

El objetivo del trabajo fue localizar en mapas de ligamiento construidos a partir de cruzamientos recíprocos entre el cultivar nacional Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión LA722 (P) de *S. pimpinellifolium* L., loci de caracteres cuantitativos (QTL) para vida poscosecha (VP) y otros caracteres de calidad de fruto. Se evaluó el polimorfismo fenotípico y genotípico entre C y P. Existieron diferencias significativas para todos los caracteres fenotípicos analizados. Se detectaron 1.398.056 polimorfismos de nucleótido simple (SNP) e inserciones/delecciones (InDel). Invertiendo la función sexual se obtuvieron las generaciones F<sub>1</sub> recíprocas (F<sub>1</sub> CxP y F<sub>1</sub> PxC) y por autofecundación las F<sub>2</sub> (F<sub>2</sub> CxP y F<sub>2</sub> PxC). Se evaluaron fenotípicamente diez plantas de cada F<sub>1</sub> y 120 de cada F<sub>2</sub> para estimar efectos recíprocos (ER) en caracteres de fruto. Se encontraron ER para peso, diámetro, altura y VP en las generaciones F<sub>1</sub> y F<sub>2</sub>. Se desarrollaron 183 marcadores moleculares de ADN para, junto a otros marcadores disponibles, caracterizar genotípicamente ambas poblaciones F<sub>2</sub> y construir dos mapas de ligamiento que resultaron con una longitud de 1.495 centiMorgan (cM) para la F<sub>2</sub> CxP y 1.424 cM para la F<sub>2</sub> PxC. La mayoría de los QTL detectados mediante mapeo por intervalos compuestos fueron exclusivos de una u otra F<sub>2</sub> indicando que distintas regiones cromosómicas toman relevancia en el control de caracteres de calidad de fruto. Se concluye que existen tres QTL asociados a la VP y 46 a otros caracteres de calidad de fruto en F<sub>2</sub> recíprocas obtenidas a partir del cruzamiento entre C y P.

4

### AMPLIACIÓN DEL POOL GÉNICO DEL GERMOPLASMA TETRAPLOIDE SEXUAL DE *Paspalum notatum*: CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y REPRODUCTIVA DE UNA POBLACIÓN SINTÉTICA

Zilli A.L.<sup>1</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>, C.A. Acuña<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste UNNE-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.  
E-mail: alexzilli@gmail.com

*Paspalum notatum* Flüggé es una gramínea perenne nativa del continente americano. La especie presenta un citotipo diploide de reproducción sexual y alógamo y otro tetraploide de reproducción apomíctica pseudogama. Unos pocos genotipos tetraploides sexuales fueron obtenidos experimentalmente. Sin embargo, éstos son escasos y con estrecha base genética. El objetivo de esta tesis fue transferir por hibridación la amplia variabilidad genética presente en el germoplasma apomíctico al tetraploide sexual. Se generaron 12 familias segregantes, a partir del cruzamiento entre 10 genotipos tetraploides apomícticos naturales (GTAN) y tres genotipos tetraploides sexuales experimentales (GTSE). El modo de reproducción segregó de forma distorsionada en casi todas las familias con excepción de una de ellas donde fueron equivalentes. A partir del intercruzamiento de 29 híbridos F<sub>1</sub> sexuales se generó una población tetraploide sintética sexual (PTSS). Se evaluó la variabilidad molecular y morfo-agronómica de la PTSS, GTAN y GTSE. En ambos casos, la PTSS mostró una variabilidad genética muy superior a los GTSE y similar a los GTAN. Se analizó la fertilidad de la PTSS y se comprobó que se comporta como alógama con niveles variables de auto-fertilidad. Se generaron 22 familias, a partir del cruzamiento entre 11 genotipos de la PTSS y dos cultivares apomícticos de *P. notatum*. Se observó una alta variabilidad para segregación del modo de reproducción y expresividad de la aposporia en las progenies. La alta variabilidad genética presente en la PTSS será de utilidad en los programas de mejoramiento.

5

## CARACTERIZACIÓN AGROECOLÓGICA DE POBLACIONES FERALE BRASICÁCEAS CON RESISTENCIA A HERBICIDAS

Pandolfo C.E.<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur; <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida CERZOS UNS- CONICET.

E-mail: cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

Las brasicáceas son una importante familia vegetal distribuida en todo el mundo. *Brassica rapa*, *B. napus* y *Raphanus sativus* son especies anuales de esta familia, cultivadas desde hace siglos. *B. napus* (colza) se destaca por su elevada participación en la producción mundial de aceites. Las poblaciones ferales de estas especies son malezas en ambientes de clima templado. Los objetivos de la tesis fueron actualizar la información sobre la naturalización y distribución de estas especies en la región pampeana argentina, evaluar el flujo génico entre el cultivo de colza y *B. rapa* y caracterizar poblaciones de *Raphanus* y *Brassica* resistentes a herbicidas. Se demostró que Argentina se mantiene como centro de diversidad secundario de especies emparentadas con colza. Se observaron rasgos en algunas poblaciones que podrían inferir su origen feral. La presencia de híbridos en poblaciones de *B. rapa* cercanas a cultivos de colza fue confirmada por distintos métodos: morfología, fertilidad masculina, contenido de ADN y resistencia a herbicidas. Se confirmó la presencia de poblaciones de *R. sativus* con resistencia a herbicidas AHAS, debidas a un cambio puntual de aminoácido en el gen de la enzima. Se detectaron poblaciones naturales de *B. napus* y *B. rapa* con resistencia transgénica a glifosato. Esto podría sugerir que el carácter provino de cultivos de colza transgénica realizados de manera ilegal en el país o de individuos ingresados como contaminante de semilla. La presencia de estas poblaciones implica aspectos de impacto ambiental por la liberación en ambientes naturales del transgen.

6

## ANÁLISIS DE LAS RELACIONES GENÓMICAS ENTRE ESPECIES DEL GÉNERO *Arachis* MEDIANTE HIBRIDACIÓN *IN SITU* FLUORESCENTE Y DETERMINACIÓN DEL CONTENIDO DE ADN.

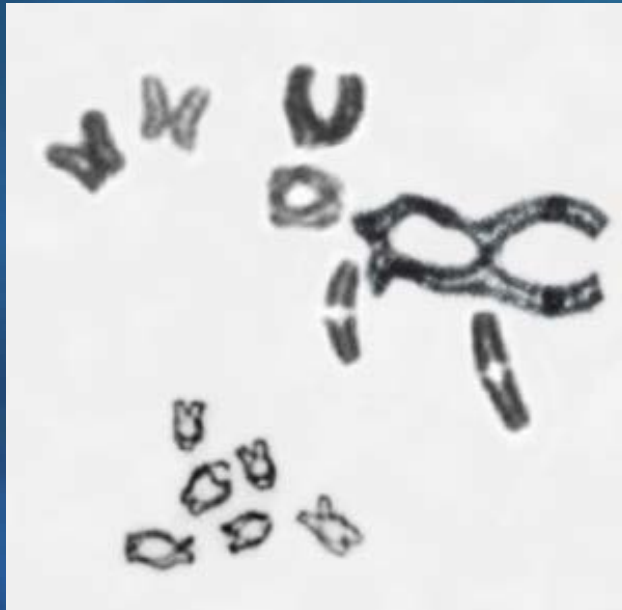
Silvestri M.C.<sup>1</sup>, A. Ortiz<sup>1</sup>, G.A. Robledo<sup>1,2</sup>, G.I. Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE).

E-mail: celestesilvestri@gmail.com

El género *Arachis* posee 81 especies asignadas a 9 secciones. Si bien la mayoría presenta cariotipos simétricos similares, análisis de FISH revelaron diferencias significativas entre algunas de ellas permitiendo establecer distintos genomas. Sin embargo, tales análisis se centraron en las secciones *Arachis* y *Rhizomatosae*, y los genomas de las secciones restantes siguen siendo definidos en base a las divisiones subgenéricas. A fin de analizar la variabilidad cariotípica, evaluar las relaciones genómicas y revelar las tendencias evolutivas de los cariotipos se realizó un estudio comparativo del contenido de ADN y del cariotipo por FISH de especies de 8 secciones; y a partir de una hipótesis evolutiva construida por el análisis de la región ITS1-ARN5,8-ITS2, se evaluó la evolución de los distintos caracteres. Este estudio reveló que a pesar de la poca variabilidad existente en las fórmulas cariotípicas, hay diferencias importantes en el tamaño y organización de los mismos. Así, se revelaron 5 patrones diferentes de distribución de heterocromatina C-DAPI, variabilidad en el número y localización de los *loci* ADN<sub>r</sub> 45S y la existencia de correlación positiva entre el valor 2C y la LCT y LCM. Los resultados sustentan parte de la asignación genómica actual y sugieren que 4 secciones comparten un mismo genoma. Por último, el análisis evolutivo de los caracteres cariotípicos analizados permitió proponer un cariotipo ancestral para *Arachis* y establecer cuáles fueron los principales cambios cariotípicos relacionados con la diversificación genómica y la diferenciación de algunas especies.



COMUNICACIONES LIBRES



# CITOGENÉTICA ANIMAL



CA 1

## CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE *Ameromyia protensis* (Neuroptera: Myrmeleontidae)

Andrada A.R.<sup>1</sup>, V.A. Páez<sup>1</sup>, G. Ruiz de Bigliardo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Fundación Miguel Lillo; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo. E-mail: arandrada@lillo.org.ar

Entre los insectos, el orden Neuroptera está ampliamente distribuido en la región Neotropical. Muchas de sus especies son depredadores de otros insectos más pequeños y/o huevos, por lo que algunas familias (Chrysopidae, Hemerobiidae) adquirieron gran importancia como biocontroladores de diversas plagas agrícolas. La familia Myrmeleontidae está integrada por aproximadamente 100 especies presentes en todo el Neotrópico y sus estudios citogenéticos son escasos; sólo se estudiaron 7 (siete) especies donde se asigna el complemento cromosómico  $2n=14$  a *Mymecaelurus* y *Myrmeleon*, mientras que en los géneros *Neuroleon* y *Macronemurus* fue  $2n=16$ . El mecanismo de determinación del sexo es del tipo XX:XY que en Myrmeleontidae como en otras familias de neurópteros es común, siendo sus cromosomas sexuales heteromórfico, caracterizados por la segregación temprana durante anafase I (segregación a distancia). En este trabajo se estudiaron citogenéticamente ejemplares de *Ameromyia protensis* mediante técnicas convencionales y se los analizó comparativamente con otros neurópteros. Se realizaron recuentos cromosómicos, el correspondiente análisis de la meiosis y se estableció su cariotipo. Los resultados determinaron un número somático  $2n=14$ , cariotipo bimodal, número gamético  $n=7$ , sistema de determinación sexual XY con segregación a distancia. Estos recuentos cromosómicos son los primeros realizados en *Ameromyia* y es el primer reporte cariotípico para el género. Los recuentos cromosómicos de este diploide se corresponden con los de los géneros *Mymecaelurus* y *Myrmeleon*.

CA 2

## ESTUDIO CITOGENÉTICO Y EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN Ommexechidae BOLÍVAR, 1884

Santander M.D.<sup>1</sup>, J.F. Franco<sup>2</sup>, A. Taffarel<sup>1</sup>, D.A. Martí<sup>1</sup>, E.R. Castillo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical CONICET-UNaM, Misiones, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Citogenética, Centro de Estudios Biológicos "Fortunato L. Herrera", UA, Santiago, Cusco, Perú. E-mail: mylena.santander@gmail.com

Ommexechidae presenta especies con variaciones en sus cariotipos con respecto al número cromosómico  $2n=23/24$ ,  $NF=23/24$  y un sistema cromosómico de determinación sexual (SCDS) X0/XX, considerado estándar en Acridoidea. Para estudiar estas variaciones, realizamos análisis citogenéticos en especies del grupo e interpretamos los resultados y antecedentes previos, en un contexto evolutivo. Analizamos la meiosis masculina de *Ommexecha virens*, *Cumainocloidus cordillerae*, *Clarazela bimaculata* y *Pachyossa signata*, colectados en diferentes sitios de Sudamérica, por medio de técnicas de tinción convencional y diferenciales. En *O. virens* y *C. cordillerae* observamos un  $2n=23♂/24♀$ , X0/XX,  $NF=25/26$  (L1 submetacéntrico), mientras que *Cl. bimaculata* ( $2n=23♂/24♀$ ) y *P. signata* ( $2n=22♂/22♀$ ) comparten un  $NF=23♂/24♀$  (L1 telocéntrico). La reducción del  $2n$  en *P. signata* se debe a una fusión céntrica entre el X y un autosoma del grupo S, generando un SCDS neo-XY/XX. La hipótesis que explicaría el aumento del NF observado, compartido por varios representantes de la familia, implica el establecimiento de una inversión pericéntrica en el par L1 del antecesor de Ommexechidae. Variaciones con respecto a este NF indicarían rearrreglos independientes en la historia evolutiva del grupo. Los SCDS derivados presentes en Ommexechidae resultan de una fusión céntrica, involucrando autosomas diferentes. La evidencia citogenética sugiere una evolución cromosómica compleja en el grupo, que implica el establecimiento de diversos rearrreglos cromosómicos, similar a lo observado en otros Acridoideos neotropicales.

## CA 3

### POLIMORFISMO DE FUSIONES CÉNTRICAS EN POBLACIONES NATURALES DE *Scotussa cliens* (STÅL, 1861) (Acrididae: Melanoplinae)

Martí E.<sup>1</sup>, E.R. Castillo<sup>1</sup>, D.A. Martí<sup>1</sup>, A. Taffarel<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical CONICET-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina.  
E-mail: emilianomartí@gmail.com

Las translocaciones Robertsonianas (Rb) causan profundos cambios en la meiosis, alterando la recombinación genética intra e inter cromosómica. Los melanoplinos neotropicales presentan un gran número de especies con cariotipos derivados debido a estos rearrreglos. Modelos detalladamente estudiados, como *Dichroplus pratensis* y *D. fuscus*, proporcionan evidencias de la complejidad de estos mecanismos. *Scotussa cliens* es un melanoplino con amplia distribución en Sudamérica. Esta especie cumple su ciclo biológico completo en plantas del género *Eryngium*, resultando en una distribución agrupada. El objetivo de este trabajo es estudiar poblaciones naturales de *S. cliens*, con la finalidad de discutir su citogeografía, y el posible efecto de los reordenamientos en la meiosis. Analizamos mediante técnicas de citogenética clásica y diferencial 267 individuos de 10 poblaciones, abarcando gran parte de su distribución geográfica incluyendo Argentina, Uruguay y Paraguay. Describimos la existencia de 3 citotipos, producto de un polimorfismo Rb entre los autosomas L2 y M4, haciendo variar el 2n de la especie entre 21/22 y 19/20 (♂/♀) cromosomas. Estos rearrreglos estuvieron ausentes en las poblaciones centrales del área estudiada ( $f_{pi} = 0$ ), aumentando su frecuencia de forma significativa hacia las poblaciones marginales, tanto en dirección Norte ( $f_{pi} = 1,45$ ), como Sur ( $f_{pi} = 2$ ) y Este ( $f_{pi} = 1,53$ ). Discutimos estos resultados en el marco del reciente debate sobre la evolución de los polimorfismos para fusiones Rb, comparándolos con los casos de *D. pratensis*, *D. fuscus* y *Cornops aquaticum*.

## CA 4

### VARIABILIDAD MEIÓTICA Y EVOLUCIÓN CARIOTÍPICA EN POBLACIONES ARGENTINAS DEL ESCORPIÓN *Tityus bahiensis* (PERTY, 1834) (Buthidae)

Adilardi R.S.<sup>1</sup>, A.A. Ojanguren Affilastro<sup>2</sup>, D.A. Martí<sup>3</sup>, L.M. Mola<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA-IEGEBA (CONICET-UBA); <sup>2</sup>División de Aracnología, Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"-CONICET; <sup>3</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva-IBS (CONICET-UNaM).  
E-mail: rsadilardi@yahoo.com.ar

*Tityus bahiensis* es la especie más estudiada del género y es de particular interés, ya que para algunas de sus poblaciones se citaron los números cromosómicos más bajos en escorpiones; además, presenta una gran variabilidad cariotípica ( $2n=5$  a  $2n=20$ ) y una alta frecuencia de rearrreglos estructurales en heterocigosis. Como todas las especies de Buthidae, posee cromosomas holocinéticos y meiosis masculina aquiasmática. Habita en el sur de Brasil, Paraguay y el noreste argentino. En esta contribución estudiamos tres poblaciones de *T. bahiensis* de la provincia de Misiones, Argentina. Éstas corresponden al extremo sur de su distribución y representan los primeros datos citogenéticos de *T. bahiensis* para Argentina. Analizamos el cariotipo y el desarrollo meiótico mediante tinción con Giemsa, bandeado C y FISH con sondas de ADN ribosomal 28S y de repeticiones teloméricas (TTAGG)<sub>n</sub>. El estudio mitótico y meiótico de los machos reveló un alto grado de polimorfismo en dos poblaciones y politipismo numérico y estructural, lo que permitió describir siete citotipos: A)  $2n=15$  (6II+III, configuración 1 en meiosis I); B)  $2n=13$  (4II+V); C)  $2n=12$  (2II+III config. 2 +V); D)  $2n=13$  (3II+VII config. 1); E)  $2n=14$  (4II+VI); F)  $2n=13$  (3II+VII config. 2); G)  $2n=13$  (2II+IX). Las hembras de una de las poblaciones mostraron 14 cromosomas en mitosis. A partir del análisis del tamaño cromosómico, la heterocromatina constitutiva y la ubicación de los sitios de ADN<sub>r</sub> proponemos los distintos reordenamientos cromosómicos (fusiones y translocaciones recíprocas) que pudieron dar origen a los distintos citotipos.

## CA 5

**BIOMARCADOR DE INESTABILIDAD GENÓMICA EN *Ateles chamek*: UN ANÁLISIS PRELIMINAR**

Puntieri F.<sup>1</sup>, N.B. Andrioli<sup>1,2</sup>, M. Nieves<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Biología Evolutiva (GIBE), FCEyN-UBA; <sup>2</sup>IEGEB-CONICET. E-mail: fi.puntieri@gmail.com

El estudio de la inestabilidad genómica en mamíferos constituye un área de interés para la Citogenética Evolutiva. En primates, se ha postulado que algunos biomarcadores como sitios frágiles (FS) y secuencias teloméricas intersticiales (ITS) están asociados a distintos grados de inestabilidad genómica. En este trabajo, estudiamos otro biomarcador de inestabilidad genómica, el intercambio de cromátides hermanas (ICH) como indicador de sitios susceptibles a sufrir rupturas y reordenamientos cromosómicos en una especie de Platyrrhini, *Ateles chamek*. Se determinó la frecuencia de ICH en cultivo de fibroblastos, registrándose que los ICHs se localizaban en forma concentrada en los pares cromosómicos # 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10 y 12, los cuales se hallan implicados en reordenamientos de importancia evolutiva descritos para el género *Ateles*. Se determinó que existe una diferencia significativa entre el número de ICHs observado en las regiones reordenadas respecto a las regiones conservadas en el género. Es interesante destacar que la frecuencia de ICHs varía según el tipo de reordenamiento involucrado en las regiones analizadas. Estudios previos que utilizan los biomarcadores FS e ITS en el género muestran un patrón similar, sugiriendo que la inestabilidad genómica del grupo estaría implicada en la ocurrencia de múltiples reordenamientos cromosómicos a lo largo de su historia evolutiva. Estas conclusiones preliminares contribuyen al conocimiento acerca de las regiones cromosómicas con un rol relevante en la evolución cromosómica de Platyrrhini.

## CA 6

**RELEVAMIENTO CITOGÉNÉTICO DE LA FAUNA ÍCTICA DE LA CUENCA DEL ALTO RÍO URUGUAY (MISIONES, ARGENTINA)**

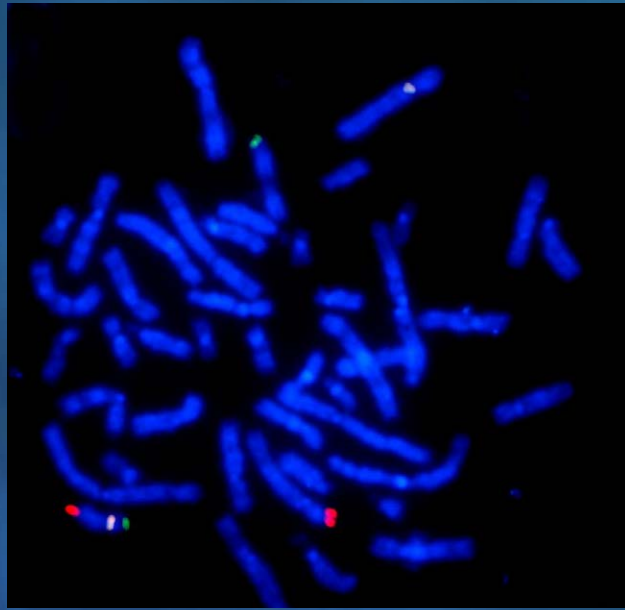
Fenocchio A.S.<sup>1</sup>, M.C. Pastori<sup>1</sup>, H. Roncati<sup>1</sup>, J.D. Caffetti<sup>1</sup>, M. Maldonado<sup>1</sup>, K. Sanchez<sup>1</sup>, A. Rau<sup>1</sup>, U.O. Pioli<sup>1</sup>, F.H. Takagui<sup>2</sup>, A.C. Swarça<sup>2</sup>. <sup>1</sup>UNaM/IBS/CONICET, Argentina; <sup>2</sup>Universidade Estadual de Londrina, Brasil. E-mail: afenocch@fceqyn.unan.edu.ar

La cuenca del Alto río Uruguay es un sistema poco explorado con respecto a la fauna íctica, siendo muchas de sus especies de peces endémicas o restringidas a la región. Este trabajo tuvo como objetivo realizar un relevamiento citogenético en ejemplares colectados en afluentes del Alto río Uruguay ubicados en Misiones (Argentina). Fueron realizadas colectas en diversos periodos del año (2008-2016), siendo capturadas y analizadas más de 20 especies. A las preparaciones cromosómicas directas fueron aplicadas coloraciones convencionales y diferenciales. Las especies estudiadas pertenecen a tres Ordenes y entre otras se pueden mencionar: *Astyanax bimaculatus (jacuhiensis)*, *A. ojiara*, *Astyanax* sp., *Oligosarcus* sp., *Acestrorhynchus pantaneiro*, *Apareiodon affinis* (Characiformes); *Ancistrus* sp., *Corydoras paleatus*, *Rhamdia* sp., *Loricariichthys anus*, *Rineloricaria cf. reisi* (Siluriformes); *Cichlasoma dimerus*, *Gymnogeophagus cf. gymnogenys*, *Australoherus forquilha*, *Crenicichla vitatta* (Perciformes). Los resultados son consistentes con los datos de la literatura, no obstante se requiere continuar el relevamiento iniciado y profundizar estudios en algunos grupos como por ejemplo *A. affinis* y *Astyanax* debido en el primer caso a la gran variabilidad cariotípica y en el segundo a la diversidad específica. Entre los Perciformes se destaca *Gymnogeophagus*, cuya identificación morfológica presenta dificultades y la variabilidad de algunos marcadores citogenéticos dificulta la caracterización citogenética. Ya en el grupo de los Siluriformes es necesario incluir especies de la familia Pimelodidae.



CH

COMUNICACIONES LIBRES



# CITOGENÉTICA HUMANA





## CH 1

## MOSAICISMO CROMOSÓMICO CONSTITUCIONAL POR DOBLE ANEUPLOIDÍA 45,X/47,XX,+18

Boywitt A.<sup>1</sup>, M. Fernández<sup>2</sup>, B. Casali<sup>1</sup>, F. Villegas<sup>2</sup>, V. Fernández Mentaberry<sup>3</sup>, R. De Bellis<sup>1</sup>, C. Arberas<sup>2</sup>, G. del Rey<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio Citogenética Centro de Inv. Endocrinológicas "Dr. C. Bergadá" -CEDIE CONICET-FEI-División Endocrinología Htal. de Niños "Dr. R. Gutiérrez"; <sup>2</sup>Sección de Genética Médica Htal. de Niños "Dr. R. Gutiérrez"; <sup>3</sup>División Endocrinología Htal. Gral. de Agudos "Dr. C.G. Durand", CABA, Argentina.  
E-mail: boywitta77@yahoo.com.ar

Mosaicismo es la presencia de dos o más líneas celulares con diferente complemento cromosómico en un mismo individuo. La trisomía 18 y el Síndrome de Turner presentan fenotipo definido. El 5-10% de T18 se presentan en mosaico con fenotipo más leve y ~50% de ST son 45,X en mosaico. Presentamos un caso de mosaicismo de doble aneuploidía, combinando una línea con monosomía X y otra con T18, su fenotipo y consideramos posibles mecanismos de origen. Paciente: Niña de 7a derivada por retraso madurativo. Antecedentes personales: Al nacimiento P: pc3, T: pc 25, PC: pc 50. EP: 51 EM: 43, tres AE de 1er trimestre. Retraso en la adquisición de pautas madurativas, dificultad escolar. Al examen: P y T: pc 3 y PC: -2SD. Cara triangular. Puente nasal alto, base ancha, columela prominente, filtrum corto. Boca pequeña, labio inferior fino. Orejas rotadas, lóbulo adherido. Tórax asimétrico, escápulas alatas. Genitales femeninos. Manos con dedos finos y largos. Pies: sindactilia 2-3. CI 62 CARIOTIPO SP 45,X[20]/47,XX,+18[30]. El mosaicismo combinando dos aneuploidías es un evento raro, con pocos casos reportados, secundario a conjunción de error meiótico y mitótico posterior o a una serie de errores mitóticos tempranos. La paciente no presenta fenotipo compatible con los ST y T18. En los casos documentados prevalecen características fenotípicas de uno u otro síndrome, lo cual podría depender de la diferente proporción de cada línea en distintos tejidos. La variabilidad de la expresión fenotípica de esta condición dificulta el diagnóstico clínico, así como poder determinar un pronóstico evolutivo.

## CH 2

## DELECIÓN SUBTELOMÉRICA DE 4Q Y MATERIAL EXTRA DE ORIGEN DESCONOCIDO, EN PACIENTE CON DISMORFIAS FACIALES Y RETARDO MADURATIVO

Dávila S.<sup>1</sup>, M. Antinori<sup>2</sup>, C. Almada<sup>2</sup>, C. Gonzalez<sup>2</sup>, C. Martinez Taibo<sup>3</sup>, A.O. Laudicina<sup>4</sup>, M. Figueredo<sup>1</sup>, O. Etchegoyen<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Servicio de Biología Molecular, Hospital de Alta Complejidad Pte. J.D. Perón, Formosa, Argentina; <sup>2</sup>Servicio de Neonatología, Hospital de la Madre y el Niño, Formosa, Argentina; <sup>3</sup>Programa de Genética, Hospital Dr. Arturo Oñativia, Salta, Argentina; <sup>4</sup>Lexel SRL, División In Vitro, Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: sole\_davila@hotmail.com

Propósito de sexo femenino derivado a los 15 días del nacimiento al HMyN por bajo peso, cianosis distal, dificultad respiratoria y sospecha de cuadro sindrómico. Producto de la 4a gestación. C1:24 B1:29 años. Embarazo con 7 controles donde se observa RCIU. Internación al 6° mes de gestación por infección urinaria. Gesta de 40 semanas. PN= 2.600 kg, P= -3DS, T= 45 cm, P= -3DS, PC= 30 cm, P= -3DS. Apgar: 8/8. Fenotipo del propósito: CIA, fisura palatina, pie en mesedora, frente estrecha y ancha. Cabello claro, escaso y quebradizo. Examen Citogenético Clásico: el estudio cromosómico por bandeado G detectó una anomalía estructural en el brazo largo de un cromosoma 4. El análisis del patrón de bandas sugirió que podría corresponder a un segmento de 3pter, por lo que se pensó en un der(4) (4pter@4q31::3p21@3pter). Examen Citogenético Molecular: el primer estudio de Hibridación *In Situ* por Fluorescencia (FISH), usando sondas de pintado cromosómico para los cromosomas 3 y 4 resultó normal, descartando una t(3;4). El segundo estudio de FISH, usando sondas subteloméricas 3p y 4q, arrojó un resultado normal para 3pter, pero detectó sólo una señal para subteloméricas de 4q, indicando una delección terminal del 4qter y material adicional de origen desconocido. Resultado: 46,XX,add(4) (pter@q35::?) ish del(4)(4qter)(STM4). Estudio sugerido no realizado: SKY FISH para determinar la procedencia del material adicional en el cromosoma 4. Es imprescindible destacar la importancia de la citogenética molecular para ratificar o rectificar la interpretación de las anomalías encontradas por citogenética clásica.

## CH 3

### MATERIAL ADICIONAL DE ORIGEN DESCONOCIDO EN EL CROMOSOMA X. REPORTE DE UN CASO

Salim E.<sup>1</sup>, C. Martínez-Taibo<sup>1</sup>, J. Marinaro<sup>1</sup>, P. Huidobro<sup>1</sup>.<sup>1</sup>  
Programa de Genética Médica, Hospital Dr. Arturo Oñativia,  
Salta, Argentina.  
E-mail: ericasalim81@gmail.com

Para brindar asesoramiento genético adecuado es necesario conocer el gen o los genes involucrados en la alteración cromosómica. Por ello, el objetivo del trabajo fue determinar el origen del material adicional encontrado en un cromosoma X de una aberración morfológico-estructural de *novó*. Descripción clínica. Paciente femenino de un mes de vida consulta al Programa de Genética por derivación del Servicio de Neonatología del Hospital Materno Infantil de la provincia de Salta. Diagnóstico: macrocefalia y FLAP. Primera hija de pareja no consanguínea, EM: 22 años, EP: 25 años. Presenta facie sindrómica, macrocefalia, frente amplia convada, hipertelorismo, orejas de implantación baja con rotación posterior, FLAP bilateral, punta nasal chata, cuello corto, braquidactilia, abdomen globoso y RMG. Para el estudio cromosómico se realizó extracción de sangre periférica y cultivo celular de 72 hs. Cosecha de linfocitos y Bando G. Observación: microscopía óptica. Resultados: Cariotipo de 550 bandas. Hallazgos citogenéticos: 46,X,add(X)(qter). Se observó material adicional de origen desconocido en el brazo largo del cromosoma X, "Xq+". Cariotipos parentales normales. La alteración cromosómica se presenta con baja frecuencia y son escasos los pacientes publicados en la literatura. Se estudió a los padres en búsqueda de translocaciones balanceadas resultando cariotipos normales. Se concluye que la paciente presenta una aberración cromosómica, trisomía parcial, de *novó*. Se solicita estudio de Sky Fish para determinar el origen del material adicional y realizar asesoramiento genético. La niña continúa en estudio.

## CH 4

### RESULTADOS DE ESTUDIOS CROMOSÓMICOS EN PACIENTES CON DIAGNÓSTICO PRESUNTIVO DE SÍNDROME MIELODISPLÁSICO REMITIDOS AL IICS/UNA PERÍODO 2010-2017

Fernández S.<sup>1</sup>, S. Rodríguez<sup>1</sup>, E. Torres<sup>1</sup>, G. Meza<sup>1</sup>, E. Estigarribia<sup>1</sup>, N. Monjagata<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética, Departamento de Genética, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, UNA, San Lorenzo, Paraguay.  
E-mail: silvifernandezm@hotmail.com

El Síndrome Mielodisplásico (SMD) constituye un grupo heterogéneo de neoplasias hematológicas que presentan alteraciones morfológicas, cariotípicas y moleculares en las células madre multipotentes que pueden conducir al desarrollo de una Leucemia Mieloblástica Aguda. En la mayoría de los casos afecta a personas de edad avanzada. El diagnóstico es principalmente morfológico, pero para determinar el pronóstico y tratamiento se requiere un estudio citogenético. Se presentan los resultados del estudio citogenético realizado en médula ósea de 80 pacientes cuyas muestras fueron remitidas al laboratorio con diagnóstico presuntivo clínico de SMD. Para el análisis citogenético se utilizó la técnica estándar de cariotipo en médula ósea. El 53% fueron de sexo femenino y el promedio de edad fue de 53 años; 69% de los pacientes presentaron cariotipo normal; 11% con alteraciones numéricas, de los cuales la mayoría presentaron poliploidias; 9% con alteraciones estructurales, de los cuales tres con delección del 5q; 5% con cariotipo complejo con más de 3 líneas celulares y el 6% sin crecimiento celular. Resulta de gran importancia identificar las diferentes alteraciones cromosómicas encontradas en pacientes paraguayos con diagnóstico presuntivo clínico de SMD ya que no se cuentan con datos publicados sobre alteraciones citogenéticas de esta neoplasia hematológica a nivel país. Es importante resaltar que los estudios citogenéticos se utilizan para la confirmación del diagnóstico de manera a clasificar y estadificar la neoplasia a fin de contar con una terapia adecuada.

## CH 5

## FRECUENCIA DEL SÍNDROME DE TURNER Y SUS GENOTIPOS EN PACIENTES QUE HAN CONCURRIDO AL LABORATORIO DE GENÉTICA DEL IICS/UNA EN EL PARAGUAY

Torres E.<sup>1</sup>, N. Monjagata<sup>1</sup>, G. Meza<sup>1</sup>, S. Rodríguez<sup>1</sup>, S. Fernández<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética, Departamento de Genética, Instituto de Investigaciones en Ciencias de Salud, UNA, San Lorenzo, Paraguay.

E-mail: torres.elodia63@gmail.com

El propósito del presente trabajo fue determinar la frecuencia del Síndrome de Turner y sus genotipos en el Paraguay. Fueron incluidos todos los pacientes evaluados durante 20 años, desde 1995 hasta el 2015, que han concurrido al laboratorio de Citogenética del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud. Para el estudio citogenético se utilizó la técnica de Hungerford y para el cálculo de la frecuencia del Síndrome fueron registradas todas aquellas pacientes con sospecha clínica de Síndrome de Turner y cuyos cariotipos resultaron con la monosomía X ó sus variantes. En total se analizaron 3236 pacientes, de los cuales 71 presentaron el Síndrome de Turner, estimándose una frecuencia del 2%. De este grupo, 46% (33/71) presentaron la monosomía del X; 20% (14/71) presentaron mosaico 45,X/46,XX; 11% (8/71) presentaron 46 cromosomas con un isocromosoma Xq; 14% (10/71) fueron mosaicos con la presencia de uno, dos y tres isocromosomas Xq, 3% (2/71) mosaico con marcador, 1% (1/71) de mosaico triple y un 4% (3/71) con anomalías estructurales que involucraron al cromosoma X. El genotipo más frecuente del Síndrome de Turner obtenido fue la monosomía del cromosoma X, el siguiente genotipo fueron los mosaicos con dos o más líneas celulares y el genotipo menos frecuente fueron aquellos que involucraron al cromosoma X con una alteración estructural. Se destaca la importancia de identificar el genotipo de la paciente de tal manera a estimar el riesgo de recurrencia, diagnóstico etiológico, tratamiento y asesoramiento genético adecuado.

## CH 6

## ANOMALÍAS ESTRUCTURALES DEL CROMOSOMA 10 Y SU RELACIÓN CLÍNICA

Casali B.<sup>1</sup>, R. Armando<sup>2</sup>, F. Villegas<sup>2</sup>, C. Arguelles<sup>2</sup>, A. Boywitt<sup>1</sup>, M.C. Fernandez<sup>2</sup>, R. DeBellis<sup>1</sup>, C. Arberas<sup>2</sup>, G. del Rey<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética. CEDIE "Dr. César Bergadá", CONICET-FEI. División de Endocrinología, Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez; <sup>2</sup>Sección de Genética, Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez.

E-mail: bcasali@cedie.org.ar

El cromosoma 10 representa el 4,5% del genoma total, su tamaño es ~134 Mb y contiene más de 722 genes de función conocida. En la literatura se han descrito un amplio rango de alteraciones estructurales (AE) asociadas a entidades clínicas reconocidas. Entre ellas se pueden describir el Sd (síndrome) microdelección 10q26, el Sd HDR (hipoparatiroidismo-sordera-anomalías renales) y/o Sd DiGeorge2 con deleciones en 10p15-p13, otras duplicaciones parciales o totales que generan cuadros severos de trisomía 10p-10q, anillos que dependiendo del nivel de ruptura, podrían mimetizar las características fenotípicas de Sd de deleción terminal, e incluso variantes normales como inv(10)(p11.2q21.2). El objetivo es describir diferentes AE del Cr10 (deleción-duplicación-inversión-anillo) presentes en 5 pacientes evaluados por retraso madurativo y dismorfias. Pacientes: P1-Niño de 4a 8m con retraso neuromadurativo, cardiopatía, anomalías renales y genitales: 46,XY,del(10)(q26.1). P2-Niño de 20m con retraso global de desarrollo, hipotonía y anomalías genitales: 46,XY,dup(p15p11.2)dn. P3 y P4 hermanos con retraso pondoestatural (RPE) y trastorno del lenguaje: P3:46,XX,inv(10)(p11.1q26.1) pat. P4: 46,XY,inv(10)(p11.1q26.1)pat. P5- Niña de 1a 2m con microcefalia, RPE y miocardiopatía: 46,XX,r(10)(p15.5q26.3)dn. La caracterización de las AE del Cr 10 por citogenética clásica y/o molecular permite identificar la etiología del cuadro, realizar una correlación genotipo-fenotipo, establecer diagnósticos diferenciales y brindar un correcto asesoramiento genético familiar.

## CH 7

### ABORTO ESPONTÁNEO RECURRENTE EN PORTADORES, SIN INFERTILIDAD, CON UNA NUEVA TRANSLOCACIÓN 7:9

Siewert S.E.<sup>1</sup>, M.C. Della Vedova<sup>1</sup>, S. Coll<sup>2</sup>, M. Trigo<sup>3</sup>, S.M. Marsá<sup>4</sup>.  
<sup>1</sup>Universidad Nacional de San Luis; <sup>2</sup>Hospital "Humberto Notti",  
 Mendoza, Argentina; <sup>3</sup>Centro Médico Mitre, San Luis, Argentina;  
<sup>4</sup>Laboratorio Privado de Genética Genes, San Luis, Argentina.  
 E-mail: smarsa@gmail.com

Las parejas que tienen dos o más abortos espontáneos presentan mayor riesgo de una anomalía cromosómica estructural en uno de los integrantes. Se observó una translocación balanceada no recíproca entre el brazo corto del cromosoma 7 y el brazo largo del cromosoma 9 en tres portadores de una familia (probando, su hija y un primo hermano). En este estudio, el probando y su primo hermano no tuvieron problemas de infertilidad. Su progenie fue fenotípicamente normal, sin embargo en ambos casos presentaron abortos espontáneos recurrentes. Se realizó un análisis citogenético clásico de cultivos de linfocitos con bandeado G, se determinó el cariotipo del probando como 46,XY,t(7;9)(7pter 7p12;9qter 9q34::7p12 7qter). El estudio de esta familia es importante porque no hay informes previos con la misma translocación en la literatura consultada, y además, se ha transmitido a través de generaciones. En conclusión, el hallazgo más sorprendente fue la no existencia de descendencia desequilibrada después de detectar la anomalía cromosómica estructural en los padres. La detección de anomalías cromosómicas en los materiales de aborto espontáneo es muy importante para diagnosticar la causa de la pérdida del embarazo. Se propone el estudio de los productos de segregación de esta translocación en los núcleos de esperma de los portadores que podrían ser evaluados por FISH, utilizando una combinación adecuada de sondas, lo que dará a los pacientes un asesoramiento genético más preciso y ayudará a personalizar el riesgo reproductivo en varones portadores de translocación balanceada 7:9.

## CH 8

### INVERSIÓN PERICÉNTRICA 10P15;Q24 DE NOVO EN UNA NIÑA CON DISCAPACIDAD INTELECTUAL Y DISMORFIAS FACIALES. REPORTE DE UN CASO

Quaglio P.<sup>1</sup>, H.F. Quaglio<sup>1</sup>, A. Laudicina, N. Garcia<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio CIGEN Rosario; <sup>2</sup>Departamento In Vitro Lexel SRL.  
 E-mail: quagliopatricia@yahoo.com.ar

Las inversiones pericéntricas representan el 1-2% de los rearrreglos cromosómicos en humanos. Se originan a partir de dos rupturas en ambos brazos cromosómicos con posterior inserción del segmento invertido. En general, los portadores son fenotípicamente normales y se identifican por infertilidad o abortos a repetición. Existen además casos con dismorfias y discapacidad intelectual (DI). El objetivo es describir los hallazgos citogenéticos y clínicos en una paciente de 9 años de edad con DI leve y dismorfias faciales cuyo cariotipo inicial reveló material adicional en el brazo corto del cromosoma 10. Al examen físico presentó epicanto bilateral, puente nasal alto, filtrum corto, estrabismo convergente, DI leve e hiperactividad. Estudios complementarios (TAC y RMI cerebral, ecografía renal) normales. El análisis inicial con técnica de alta resolución y bandeado G reveló un cariotipo 46,XX,add10p. Cariotipos parentales normales. Para confirmar los hallazgos citogenéticos se utilizó técnica de FISH con una combinación de sondas pintado cromosómico total (PCT10), sondas subteloméricas 10pter, 10p14 y centrómero. El fenotipo de nuestra paciente podría estar relacionado con microdeleciones o microduplicaciones de las regiones invertidas, debido a que el segmento invertido comprende entre 30 al 50% de la longitud del cromosoma, implicando riesgo aumentado de anomalías cromosómicas. El hallazgo de inversiones pericéntricas del cromosoma 10 es un evento raro y muchas veces de difícil interpretación. Los estudios de FISH permitieron identificarla y establecer posibles puntos de ruptura.

## CH 9

**DOBLE ANEUPLOIDÍA: SÍNDROME DOWN-KLINEFELTER**

Poli M.N., L.A. López Miranda, L.D.V Francesena, L. Mauri, E.D. Gil. NeoGen.

E-mail: neogenmed@gmail.com

La coexistencia de dos alteraciones cromosómicas en una misma persona es un evento raro. Se estima que la incidencia de síndrome de Down-klinefelter en un mismo paciente es de 7/1.000.000 de nacidos; descriptos al día de la fecha 62 casos a nivel mundial. El objetivo de este trabajo es presentar un niño con doble aneuploidía de dos meses de edad, hijo de padres jóvenes (25 años) no consanguíneos, nacido de término por cesárea. Peso al nacer 2.200 gr. Al examen físico presenta: hipotonía muscular, facies con hendiduras palpebrales hacia arriba, orejas pequeñas, protrusión lingual, cuello largo, braquidactilia con pliegue palmar único bilateral, clinodactilia del 5° dedo bilateral, abdomen globoso, cardiopatía congénita: CIA, CIV y estenosis pulmonar. Genitales masculinos normales. Se realizó estudio cromosómico en sangre periférica con resultado 48,XXY,+21[30]. En casos de doble aneuploidía donde están involucrados autosomas y cromosomas sexuales, regularmente predominan las manifestaciones clínicas relacionadas con los autosomas y tiende a pasar desapercibido el fenotipo relacionado con la alteración de los cromosomas sexuales, pudiendo aparecer las manifestaciones típicas en la pubertad. Por lo tanto, es importante el seguimiento médico de dicho paciente con el fin de brindar un correcto asesoramiento genético para una mejor calidad de vida.

## CH 10

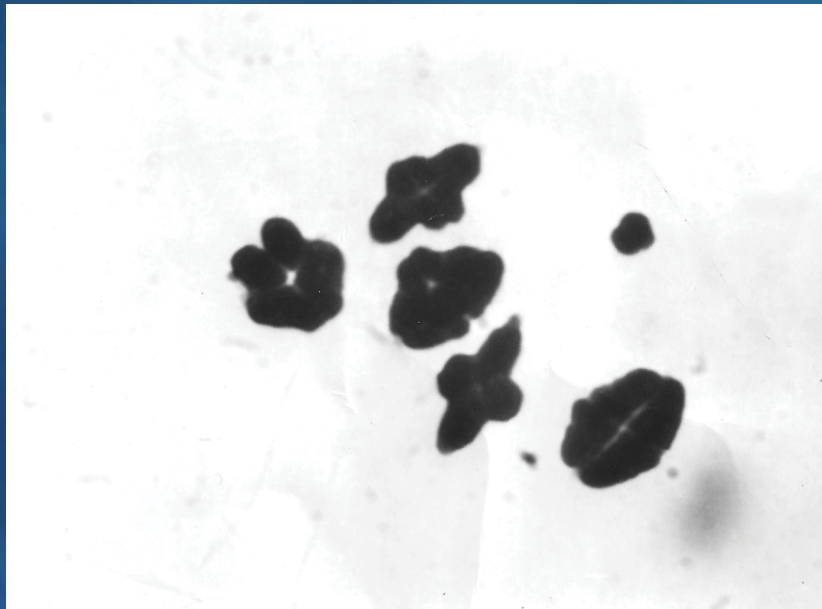
**INSERCIÓN INTERCROMOSÓMICA INVOLUCRANDO LOS CROMOSOMAS 4 Y****11. REPORTE DE UN CASO**

Juchniuk M.S.<sup>1</sup>, J. Oliveri<sup>2</sup>, M. Battistesa<sup>3</sup>, A.M. Bravo<sup>1</sup>, R. Musante<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Hospital Zonal Trelew, Chubut; <sup>2</sup>Hospital El Cruce, Buenos Aires; <sup>3</sup>Hospital Zonal Esquel, Chubut.  
E-mail: citogeneticahzt@gmail.com

Se describe una inserción intercromosómica directa. Para este rearrreglo cromosómico son necesarias dos eventos de quiebras iniciales donde se libera un segmento intersticial de uno de los cromosomas, el cual posteriormente se inserta en otro cromosoma, dicho rearrreglo posee una prevalencia de 1 en 80.000. En Junio de 2014 ingresa al laboratorio de Citogenética una muestra de una bebé recién nacida con múltiples malformaciones que fallece a los 3 meses de edad, cuyo cariotipo final fue 46,XX,der(4) ins(4;11)(q13.1q13.3;q23.3)mat. Se solicita cariotipos paternos determinando el siguiente resultado materno: 46,XX,ins(4;11)(q13.1q13.3;q23.3) y paterno: 46,XY. Conjuntamente se analiza el cariotipo de una media hermana materna del probando que presenta discapacidad intelectual y dismorfias con resultado: 46,XX,der(11) ins(4;11)(q13.1q13.3;q23.3)mat. La pareja no refiere abortos espontáneos. Por parte del padre no existen antecedentes familiares relevantes. En esta familia la descendencia recibe ambos derivados, siendo que el probando presentó delección intersticial del cromosoma 4 y la otra niña recibió el derivativo del cromosoma 11, observándose trisomía parcial del segmento del cromosoma 4 involucrado en la inserción. La viabilidad de la progenie dependerá del grado de aneuploidía observado, indicando un elevado riesgo reproductivo para futuros embarazos. Se asesora a la pareja sobre los riesgos reproductivos y las implicancias de ser portadora de un rearrreglo cromosómico y se ofrece el estudio citogenético a los tíos por ser individuos en riesgo.



COMUNICACIONES LIBRES



# CITOGENÉTICA VEGETAL





CV 1

## ANÁLISIS CITOGEOGRÁFICO REVELA QUE LA REGIÓN SUBANDINA DE BOLIVIA Y ARGENTINA CONSTITUYE UN IMPORTANTE CENTRO DE DIVERSIFICACIÓN DEL GÉNERO *Turnera*

Silva C.<sup>1</sup>, S.A. Fernández<sup>1,2</sup>, I.E. Kovalsky<sup>1,2</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>1,2</sup>.<sup>1</sup>FACENA-UNNE; <sup>2</sup>IBONE (UNNE-CONICET).

E-mail: viviana@agr.unne.edu.ar

*Turnera* (Passifloraceae) comprende 141 especies clasificadas en 11 series que se distribuyen desde el sur de los Estados Unidos hasta el centro de Argentina y dos especies africanas. Estudios cromosómicos realizados en 35 especies revelaron la existencia de 3 números básicos ( $x= 5, 7$  y  $13$ ) y de niveles de ploidía desde  $2x$  hasta  $10x$ , siendo poliploides el 65% de las especies analizadas hasta el momento. La mayor diversificación del género habría ocurrido en la región chaqueña, con diversos eventos de vicarianza y dispersión hacia otras regiones Neotropicales y África. A fin de probar esta hipótesis y dado que el análisis citogeográfico aporta información valiosa para conocer la naturaleza de la diversificación de las especies, se estimó el nivel de ploidía de ochenta y dos individuos de nueve especies de las series *Leiocarpae* ( $x= 7$ ) y *Turnera* ( $x= 5$ ) provenientes de Bolivia y se analizó la distribución geográfica de los citotipos. Los resultados obtenidos confirmaron recuentos previos, siendo diploides la mayoría de las especies analizadas. Estos resultados sumados a la información previa demostraron que en la región subandina de Bolivia y Argentina se encuentra la mayor concentración de diploides, mientras que las poblaciones y especies con niveles de ploidía más altos se distribuyen en las llanuras de las regiones Chaqueña y Paranaense. Estos resultados sugieren que la región subandina habría sido un centro de diversificación de *Turnera* a nivel diploide, mientras que la poliploidía habría desempeñado un importante papel en la dispersión hacia otras regiones Neotropicales.

CV 2

## EVALUACIÓN DE TÉCNICAS CITOGENÉTICAS Y MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE HÍBRIDOS EN *Arachis*

García A.V.<sup>1</sup>, E.N. Paredes<sup>1</sup>, G.A. Robledo<sup>1,2</sup>, A.M. Ortiz<sup>1</sup>, G.I.Lavia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET);<sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE.

E-mail: alevanina.g23@gmail.com

La hibridación entre especies silvestres del género *Arachis* es un paso fundamental en los planes de mejoramiento de *Arachis hypogaea* L. (maní cultivado), ya que en ellas se encuentran genes de importancia agronómica para ser introducidos al cultivo. Se han utilizado varios métodos de introgresión. La vía tetraploide consiste en el cruzamiento de especies silvestres para obtener un híbrido diploide, el cual es tratado con colchicina para duplicar el número cromosómico y restaurar la fertilidad. En este trabajo, mediante técnicas citogenéticas y moleculares, se evalúa la condición híbrida de individuos producto de cruzamientos interespecíficos intra e intergenómicos, los cuales serán incluidos en futuros planes de mejoramiento del maní. Los análisis de viabilidad de polen demostraron que los híbridos intragenómicos tienen valores de viabilidad entre el 25% y el 70%, mientras que los intergenómicos presentan valores inferiores al 10%. Los valores de contenido de ADN de los híbridos fueron intermedios a los de los parentales. Las técnicas citogenéticas (bandeo DAPI y FISH) resultaron útiles para el análisis de los híbridos debido a que las especies progenitoras presentan diferentes patrones de bandeo y/o diferente número de marcadores cromosómicos. En los análisis de AFLP los híbridos presentaron menos del 77% de las bandas exclusivas del progenitor femenino y más del 28% de las bandas exclusivas del progenitor masculino. En conclusión, el conjunto de estos análisis permitió determinar la condición híbrida de los individuos.

## CV 3

### COMPORTAMIENTO MEIÓTICO DIPLOIDIZADO EN EL GÉNERO *Zea*: ¿ACTIVIDAD DE GENES REGULADORES DEL APAREAMIENTO O DIVERGENCIA ENTRE CROMOSOMAS HOMEÓLOGOS?

Poggio L.<sup>1</sup>, G.E. González<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA-IEGEB (CONICET-UBA).  
E-mail: lidialidgia@yahoo.com.ar

*Zea* es un modelo para analizar la diploidización citológica. Maíz y teosintes con  $2n=20$  son alotetraploides ( $AxAxBxBx$ ) y *Z. perennis* ( $2n=40$ ) es autoalooctoploide ( $ApApApApBp1Bp1Bp2Bp2$ ). Maíces tratados (T) con colchicina 0,5 mM mostraron hasta 5IV, revelando apareamiento entre genomas homeólogos. La colchicina suprime la expresión de un locus regulador del apareamiento (PrZ). Maíces T con colchicina 1 mM mostraron asinapsis total y los dihaploides de maíz no tratado (NT) mostraron hasta 5II. En individuos NT de *Z. perennis* la configuración más frecuente fue 5IV+10II, y en los T fue de hasta 10IV, indicando afinidad dentro de los genomas Ap y Bp pero ninguna homeología entre ellos. Los híbridos hexaploides NT ( $ApApAxBp1Bp2Bx$ ) entre teosintes y *Z. perennis*, con una dosis de Ax, Bx, Bp1 y Bp2, mostraron 5III+5II+5I. Estos híbridos T mostraron hasta 10III, indicando apareamiento entre Bp1 y Bp2. El híbrido hexaploide *Z. perennis* x maíz tratado mostró VI, IV y III, debido a la homeología detectada entre los genomas A y B de maíz. Se postula un sistema de genes reguladores de apareamiento (PrZ) en *Zea*, relacionado con el umbral de homeología y nivel de ploidía, pero ineficiente en dihaploidía. *Z. parviglumis* T no evidencian apareamiento homólogo entre A y B, indicando que además de la presencia de un PrZ la diploidización del comportamiento meiótico en *Zea* se lograría por diferenciación de los cromosomas homeólogos.

## CV 4

### ANÁLISIS DE LA AFINIDAD GENÓMICA ENTRE ESPECIES NATIVAS DE *Passiflora* EMPLEANDO GISH EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS

Bugallo V.<sup>1,2</sup>, M.F. Realini<sup>3</sup>, G. Facciuto<sup>2</sup>, L. Poggio<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, FAUBA; <sup>2</sup>Instituto de Floricultura, INTA; <sup>3</sup>Laboratorio de Citogenética y Evolución (IEGEB), FCEyN-UBA.  
E-mail: bugallo@agro.uba.ar

El género *Passiflora* L. (*Passifloraceae*), consta de más de 400 especies entre las que se reconocen 19 como originarias de Argentina. Las especies nativas de *Passiflora*, forman parte de un programa de mejoramiento orientado a obtener variedades ornamentales a partir de hibridación interespecífica. Este trabajo tiene como objetivo inferir la participación de los genomas parentales en la constitución cariotípica de los híbridos interespecíficos obtenidos entre *P. amethystina*, *P. alata*, *P. cincinnata*, *P. mooreana* y *P. caerulea*. Para esto, se aplicó la técnica de hibridación *in situ* genómica (GISH) sobre preparados mitóticos de híbridos, empleando el ADN genómico de uno de sus parentales como sonda y el del otro como bloqueante. El estudio de los híbridos interespecíficos ( $2n = 2x = 18$ ) mediante GISH permitió distinguir los genomas de cada especie parental, mostrando diferencias entre ellos. *Passiflora alata* presentó secuencias exclusivas no compartidas con *P. amethystina* ni con *P. cincinnata*. Asimismo, *P. alata* mostró una mayor afinidad genómica con *P. caerulea*, evidenciada en el patrón de hibridación detectado sobre parte de brazos cromosómicos. La especie *P. mooreana* presentó secuencias intersticiales exclusivas respecto de *P. cincinnata* detectadas como un bandeo. El análisis de los híbridos mediante GISH permitió diferenciar los genomas parentales, confirmando así la naturaleza interespecífica de los genotipos analizados. La metodología permite ampliar los estudios filogenéticos y evolutivos en el género y contribuir a programas de mejoramiento genético.

COMUNICACIONES LIBRES



# GENÉTICA DE MICROORGANISMOS



## GMI 1

**EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS ASOCIADAS A ESTRÉS OXIDATIVO DURANTE LA DECOLORACIÓN DE NEGRO REACTIVO 5 POR *Trichosporon akiyoshidainum***

Bulacio Gil N.M.<sup>1</sup>, D. Kurt<sup>1</sup>, H.F. Pajot<sup>1</sup>, L.I. Catellanos de Figueroa<sup>1,2</sup>, J. Powlowski<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos- CONICET, S.M. de Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Universidad Nacional de Tucumán, S.M. de Tucumán, Argentina; <sup>3</sup>Department of Chemistry & Biochemistry, Concordia University, 7141 Sherbrooke St. W. Montreal, QC, Canadá (H4B1R6).  
E-mail: natalia\_bulaciogil@hotmail.com.ar

*Trichosporon akiyoshidainum* es una levadura basidiomicetácea capaz de remover colorantes textiles mediante procesos oxidativos. Durante la decoloración se induce un eficiente sistema antioxidante en respuesta al estrés oxidativo generado. Para caracterizar este sistema, se realizó un análisis *in silico* del genoma de la levadura con el que se identificaron 16 genes de tiorredoxinas (TRX) y un gen de metionina sulfóxido reductasa, tres genes de catalasa (CAT), cinco de superóxido dismutasa (SOD), una de glutatión reductasa (GSR), 11 genes de glutatión transferasa (GST) y seis genes de peroxirredoxina (PRX). El análisis de cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas en tándem permitió identificar proteínas expresadas diferencialmente durante la decoloración de Negro Reactivo 5 (NR5). En medios con NR5, una proteína SOD, dos PRX, dos TRX reductasas y una GSR, se sobreexpresaron con respecto al medio control. Dos TRX y dos GST sólo pudieron detectarse en medio con NR5. Sorprendentemente, se detectó una disminución de CAT en presencia del colorante. Otras proteínas involucradas en el sistema de detoxificación fueron identificadas en ambas condiciones. Estos resultados sugieren que *T. akiyoshidainum* cuenta con un amplio espectro de genes que estarían involucrados en la respuesta del estrés oxidativo y en la detoxificación celular. Muchos de estos genes se expresan diferencialmente en presencia del colorante NR5, formando un activo sistema de detoxificación que permite resistir las altas concentraciones de peróxido y/o radicales libres que serían necesarios para la degradación de este colorante textil.

## GMI 2

**MICROHETEROGENEIDAD DEL GEN 16S RRNA DE UNA CEPA DE *Streptomyces* sp. AISLADA DE MUESTRAS DE SUELO DE LA PROVINCIA DE MISIONES**

Kleinbielen T.S.<sup>1,2</sup>, C. Centeno<sup>1,2</sup>, J. Urquiza<sup>1,2</sup>, S. Valle Lisboa<sup>1,2</sup>, I.A. Wolin<sup>1,2</sup>, D. Galeano<sup>1,2</sup>, P. Martina<sup>1,2</sup>, J.A. Ferreras<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM.  
E-mail: juf2003@gmail.com

Se sabe que distintas especies bacterianas pueden tener más de una copia del operón que codifica para el gen 16S rRNA y que un porcentaje de ellas pueden presentar micro-heterogeneidad (<2%) o macro-heterogeneidad (>2%) entre las copias. Como este fenómeno puede afectar la interpretación de los resultados de los diferentes estudios de diversidad microbiana, es de suma importancia conocer que tan general es la presencia o no de copias heterogéneas de este gen en un mismo organismo. En este trabajo reportamos la presencia de al menos dos variantes del gen 16S rRNA de una cepa de *Streptomyces* sp. aislada de muestras de suelo de la provincia de Misiones. El gen 16S rRNA se amplificó casi en su totalidad a partir de los oligos universales 27F y 1492R y la secuencia se obtuvo a partir del ensamblaje de las secuencias obtenidas a partir de los oligos antes mencionados y los oligos internos universales 518F y 800R. Usando la herramienta BLAST se determinó una identidad del 99% principalmente con *S. chartreusis*, pero también otras especies como *S. resistomycificus*, *S. osmaniensis*, y otras cepas no determinadas. En el análisis del electroferograma se pudo observar la presencia de más de un pico de altura similar entre las posiciones 953 y 968 de la secuencia parcial obtenida. Al estar presente esta superposición en las diferentes secuencias con diferentes oligos, se descartó que se deba a un error de lectura y se consideró la presencia de al menos dos variantes del gen. Esta región de micro-heterogeneidad se encuentra entre la región V5 y V6 y quedó determinada como SSWYYAGAGATRGYSS.

## GMI 3

**DETECCIÓN DE *Enterococcus* PATÓGENOS EN AGUAS AMBIENTALES DE SALTA, ARGENTINA**

Agüero E.I.<sup>1</sup>, V.B. Rajal<sup>2,3</sup>, H.A. Cristóbal<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa); <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI)-CONICET, UNSa; <sup>3</sup>Facultad de Ingeniería, UNSa, Salta, Argentina.  
E-mail: hacristobal@gmail.com

El río Arenales atraviesa la ciudad de Salta y recibe el impacto de actividades antrópicas que deterioran su calidad; el contacto con estas aguas representa un riesgo para la salud humana. El objetivo del trabajo fue detectar *Enterococcus* patógenos en aguas recreativas por PCR en tiempo real (qPCR). Se monitorearon cuatro puntos del río desde abril de 2013 hasta enero de 2014. Dos litros de agua se concentraron por ultrafiltración, se detectaron *Enterococcus* por cultivo y se extrajo el ADN empleando un kit comercial. A partir de una serie de diluciones del ADN del control positivo se amplificaron los genes de virulencia *cylA* y *ace* mediante qPCR y se construyeron las curvas estándares. Los genes y cebadores usados fueron seleccionados a partir de la evaluación de cebadores publicados empleando herramientas bioinformáticas. Los recuentos mostraron que la contaminación fue superior a la permitida para aguas recreativas (61 UFC/100 ml) en los puntos analizados. Los resultados de los ensayos *in silico* (NCBI-primer-Blast) permitieron evaluar los cebadores para *ace*, con ampliaciones de 517, 499, 688 y 107 pb; y para el gen *cylA*, con productos de 616, 300, 108 y 94 pb. Los sistemas seleccionados mostraron una eficiencia del 96 y 97% para los genes *ace* y *cylA*, respectivamente. De las 36 muestras de aguas concentradas, 14 y 17 fueron positivas para *ace* y *cylA*, respectivamente por qPCR. Los resultados confirmaron la contaminación del río, y la implementación de marcadores genéticos permite el diagnóstico de la presencia de una cepa patógena en las muestras ambientales.

## GMI 4

**UTILIZACIÓN DE LA METODOLOGÍA RAPD-PCR PARA LA IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS AISLADOS DEL SALAR HOMBRE MUERTO**

Orce I.G.<sup>1</sup>, F.L. Martínez<sup>1</sup>, M. Aparicio<sup>1</sup>, V. Irazusta<sup>1,2</sup>, V. Rajal<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI), CONICET-Universidad Nacional de Salta (UNSa); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; <sup>3</sup>Facultad de Ingeniería, UNSa.  
E-mail: vbrajal@gmail.com

El Salar del Hombre Muerto se encuentra en la provincia de Catamarca, Argentina. Por su elevada concentración de litio, es considerado un ambiente extremo con microorganismos adaptados específicamente para poder sobrevivir y proliferar en él. El objetivo del presente trabajo fue implementar una metodología económica que permita identificar a nivel de especie y/o género los aislamientos obtenidos del Salar Hombre Muerto, principalmente del género *Bacillus*. Para ello se aplicó la técnica RAPD-PCR (de *Random amplified polymorphism*) utilizando el cebador S30 descrito para el género *Bacillus* por Kuom y cols. La amplificación de ADN extraído a partir de cultivos puros de *B. atrophaeus*, *B. licheniformis*, *B. subtilis* y *B. pumilus*, permitió obtener perfiles de amplificación diferentes para cada una de las especies. Los productos de amplificación obtenidos variaron entre 0,5 y 2,5 Kb. También se amplificó ADN extraído a partir de cultivos puros de *Brevibacterium* sp., *Micrococcus* y *Kocuria* sp. para evaluar la extensión de dicha metodología a otros géneros. La utilización de esta técnica permitió identificar 12 de los 24 aislamientos obtenidos del Salar Hombre Muerto, lo cual se corroboró a través de la secuenciación del gen 16S ADN ribosomal. Además se comprobó la extensión de esta metodología a otros géneros como *Micrococcus*, *Brevibacterium* y *Kocuria* observándose bandas diferenciales entre 0,6 y 2,5 Kb. Para mejorar la caracterización de los aislados obtenidos, se espera en el corto plazo contar con una amplia variedad de perfiles de amplificación.

## GMI 5

**VARIABILIDAD GENOTÍPICA DE AISLAMIENTOS DE *Sclerotinia sclerotiorum* EN LOTES DE CULTIVO DE POROTO EN SALTA Y JUJUY**

Aban C.<sup>1,2</sup>, G. Taboada<sup>1,2</sup>, Y. Spedaletti<sup>1,2</sup>, M. Aparicio<sup>1</sup>, N.E. Casalderrey<sup>2</sup>, M.O. Chocobar<sup>2</sup>, R.N. Curti<sup>3</sup>, M. Galván<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>CONICET; <sup>2</sup>INTA; <sup>3</sup>UNSa.

E-mail: clap.aban@gmail.com martazgalvan@gmail.com

En los últimos años el Moho Blanco del poroto, causado por el hongo *Sclerotinia sclerotiorum*, ha adquirido gran importancia en la región del Noroeste Argentino (NOA), ya que la enfermedad se presenta con mayor severidad y se ha detectado un incremento en el área de prevalencia. Los daños económicos producidos por *S. sclerotiorum* en el cultivo de poroto pueden llegar al 80% y alcanzar el 100% bajo condiciones ambientales favorables para el desarrollo del patógeno en cultivares sensibles. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la variabilidad genotípica de aislamientos de *S. sclerotiorum* en las principales áreas de producción de poroto del NOA. Para ello, se realizó un relevamiento en 6 lotes de cultivo de poroto en Salta y Jujuy, obteniéndose un total de 116 aislamientos que fueron analizados mediante técnicas moleculares y de compatibilidad micelial (MCG). Empleando ADN obtenido a partir de micelio los aislamientos se identificaron como *S. sclerotiorum* analizando las secuencias ITS-ADNr. Además se realizó la amplificación de ADN mediante PCR empleando 11 cebadores URP (*Universal Rice Primers*) observándose gran variabilidad genética entre los aislamientos evaluados. Por otro lado, se determinaron los MCG contrastando cada aislamiento con sí mismo y contra todos los demás, identificándose un total de 52 MCGs, los cuales fueron únicos para cada lote. Los resultados revelan la existencia de gran variabilidad entre y dentro de los lotes analizados y representan un aporte importante para la búsqueda de fuentes de resistencia a la enfermedad.

## GMI 6

**PATOGENICIDAD DE AISLAMIENTOS DE *Sclerotinia sclerotiorum* ASOCIADOS A MOHO BLANCO EN POROTO**

Abán C.<sup>1,2</sup>, G. Taboada<sup>1,2</sup>, Y. Spedaletti<sup>1,2</sup>, M. Aparicio<sup>1</sup>, N.E. Casalderrey<sup>2</sup>, M.O. Chocobar<sup>2</sup>, R.N. Curti<sup>3</sup>, M. Galván<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>CONICET; <sup>2</sup>INTA EEA Salta; <sup>3</sup>UNSa.

E-mail: clap.aban@gmail.com, martazgalvan@gmail.com

En el Noroeste de Argentina el rendimiento del cultivo de poroto se ve afectado por diversas enfermedades fúngicas, entre ellas el moho blanco causado por *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. El estudio de la variabilidad patogénica de los aislamientos en la región es de gran importancia para desarrollar variedades con una resistencia duradera. Con este objetivo se realizó un ensayo de patogenicidad en invernadero (straw test) utilizando plantas de poroto negro (Leales 24) de 28 días de crecimiento bajo un diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones. Los tratamientos fueron 116 aislamientos de *S. sclerotiorum*. Las plantas se inocularon cortando el tallo principal y depositando discos de APG (Agar Papa Glucosado) con micelio de 48 hs de activo crecimiento. Plantas inoculadas con discos de APG sin micelio se utilizaron como control. Las plantas se mantuvieron en cámara de crecimiento a  $22 \pm 2^\circ$  C, con una humedad relativa mayor a 80% durante ocho días. Posteriormente se evaluó la severidad midiendo la longitud de infección sobre el tallo principal. Los datos se analizaron mediante un modelo lineal generalizado y las medias de tratamientos se compararon utilizando la prueba DGC. Los resultados revelaron que los aislamientos de *S. sclerotiorum* mostraron variabilidad patogénica en la región, detectándose dos grupos: uno de elevada agresividad y otro de menor agresividad. Con base en estos resultados se seleccionaron los aislamientos de mayor agresividad para estudios posteriores conducentes a la búsqueda de genotipos resistentes en el germoplasma de poroto.

GMI 7

## CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE NEMATODOS ENTOMOPATÓGENOS AISLADOS EN LA PROVINCIA DE SANTA FE

Lax P.<sup>1</sup>, J.C. Rondan Dueñas<sup>2</sup>, E. Del Valle<sup>3</sup>, N. Cuellar<sup>1</sup>, M.E.

Doucet<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IDEA (CONICET-UNC) y Centro de Zoología Aplicada, FCEFyN, UNC, Córdoba; <sup>2</sup>CEPROCOR, Córdoba; <sup>3</sup>FCA, UNL, Santa Fe.

E-mail: laxpaola@gmail.com

Los nematodos entomopatógenos son parásitos obligados de insectos; sus bacterias simbiotas producen toxinas que ocasionan la muerte del hospedador. Por esa razón son potenciales agentes de control biológico de plagas. En la provincia de Santa Fe se realizaron prospecciones en sitios destinados a la agricultura. A partir de muestras de suelo se obtuvieron 5 aislados con características morfológicas correspondientes al género *Steinernema* y uno a *Heterorhabditis*. El objetivo del presente trabajo fue identificar a nivel específico esos aislados mediante el análisis de los segmentos de expansión D2-D3 del gen 28S rRNA. El ADN se extrajo a partir de juveniles infectivos; se realizó la amplificación y secuenciación de esa región. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con otras disponibles en el *GenBank* y se evaluaron las relaciones filogenéticas en base al análisis de *Neighbour Joining* y *Maximum Likelihood*. Dos de los aislados provenientes de las localidades de Cabal y Colonia Campo del Medio se agruparon con secuencias conocidas de *S. diaprepesi*; individuos de Cululú, Esperanza y Videla se unieron con *S. rarum* mientras que el aislado de Saladero Mariano Cabal lo hizo con *H. bacteriophora*. En todos los casos, se obtuvieron porcentajes de similitud genética que oscilaron entre el 99-100% con respecto a las secuencias publicadas en *GenBank*. Los resultados revelan que se amplía la distribución de estas especies en Argentina; en el caso particular de *S. diaprepesi*, constituyen nuevos registros para este organismo que recientemente fue citado por primera vez en nuestro país.



COMUNICACIONES LIBRES



# GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN



## GPE 1

**EVALUACIÓN DE LA APTITUD BIOLÓGICA DE UNA POBLACIÓN DE NABO SILVESTRE (*Brassica rapa*) CON EL TRANSGEN DE RESISTENCIA A GLIFOSATO**

Pandolfo C.E.<sup>1,2</sup>, A. Presotto<sup>1,2</sup>, B. Vercellino<sup>1,2</sup>, S. Ureta<sup>1,2</sup>, M. Cantamutto<sup>3</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur; <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida CERZOS-CONICET; <sup>3</sup>INTA Hilario Ascasubi.  
E-mail: cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

*Brassica rapa* (nabo) es una brassicácea anual cuyas poblaciones silvestres son importantes invasoras de cultivos en todo el mundo, incluyendo la Argentina. Está emparentada con la colza canola (*B. napus*), cultivo de gran importancia a nivel mundial, que posee variedades transgénicas prohibidas en Argentina. Durante el año 2012, en el sudeste de la provincia de Buenos Aires, fueron halladas poblaciones de *B. rapa* resistentes a glifosato y se comprobó que la resistencia era de origen transgénico. El objetivo fue determinar si la presencia del transgen en estos biotipos implicaba un costo biológico. Se utilizó una población segregante para el carácter de resistencia y se seleccionaron mediante un test inmunológico 15 plantas con y sin la presencia de la proteína CP4 EPSPS, de origen transgénico. Las plantas se criaron a campo en condiciones de aislamiento y durante el ciclo se midieron caracteres de crecimiento y reproductivos. No se hallaron diferencias entre los dos grupos de plantas para los caracteres de altura, número de ramas, silicuas por inflorescencia y por planta. En el rendimiento total por planta se observó una tendencia a favor de los individuos sin el transgen, pero esta diferencia no fue significativa. Al contrario, las plantas transgénicas tuvieron más semillas por silicua, pero esto no se tradujo en diferencias en el número total de semillas por planta. Esto demostró que la presencia del transgen no disminuyó la aptitud biológica de esta población de *B. rapa* y su dispersión en ambientes ruderales sin presión de selección por glifosato no se vería limitada.

## GPE 2

**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y FERTILIDAD DE HÍBRIDOS ENTRE *Brassica napus* Y *Brassica rapa*, DE PRIMERA Y SEGUNDA GENERACIÓN**

Ureta M.S.<sup>1</sup>, J. Baschiera<sup>1</sup>, S. Tilleria<sup>1</sup>, C. Pandolfo<sup>1,2</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur; <sup>2</sup>CERZOS-CONICET.  
E-mail: msureta@uns.edu.ar

La colza (*Brassica napus*) es una importante especie oleaginosa, capaz de hibridar con la especie silvestre *B. rapa*. Este proceso podría llevar a la incorporación de genes del cultivo en la maleza, aumentando su invasividad. Se observaron plantas fuera de tipo (FT) en la descendencia de cuatro poblaciones de *B. rapa*, colectadas junto a cultivos de colza en distintos partidos de la provincia de Buenos Aires. Si estas plantas fueran híbridas, se esperaría una disminución en su fertilidad. El objetivo fue determinar el número de híbridos en cada población y la modificación de su fertilidad con los avances generacionales. Se caracterizaron morfológicamente las plantas FT de las cuatro poblaciones de *B. rapa* y controles. Se estimó la viabilidad del polen en sucesivas generaciones. No se observaron diferencias significativas asociadas a la procedencia de las FT. Cuatro de los caracteres morfológicos mostraron herencia transgresiva en todas las FT, cinco fueron de morfología intermedia y el resto se asemejó más a *B. napus*. La viabilidad del polen fue del 58% y 77% para la primera y segunda generación analizada. Los híbridos mostraron morfología intermedia permitiendo diferenciarlos fácilmente. Si bien la fertilidad disminuye luego de la hibridación, tiende a recuperarse en las generaciones siguientes. Esto tiene relevancia en la elección de los cultivos dentro de los sistemas de rotación, para evitar el flujo génico desde el cultivo que confiere ventajas a las malezas en los sistemas agrícolas.

## GPE 3

**FLUJO GÉNICO DIFERENCIAL EN HÍBRIDOS *Brassica napus* L. X *B. rapa* L.**

Torres Carbonell F.<sup>1</sup>, A. Presotto<sup>1,2</sup>, M.S. Ureta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; <sup>2</sup>CERZOS, Universidad Nacional del Sur-CONICET, Bahía Blanca, Argentina.  
E-mail: francisco.torres@uns.edu.ar

En una población de *B. rapa* del partido de Balcarce que se encontraba lindante a un cultivar invernal y otro primaveral de colza (*B. napus*) resistente a imidazolinonas, se encontraron híbridos cultivo-maleza. Debido a que el requerimiento de vernalización es heredable, el objetivo fue determinar la proporción de híbridos que provenían del cruzamiento con cada cultivar, para establecer el riesgo de introgresión de la resistencia a imidazolinonas en la maleza. Se realizó un ensayo a campo en dos fechas contrastantes: una temprana (VRN1) y una tardía (VRN2), para evaluar los requerimientos de frío necesarios para que florezcan los diferentes biotipos. En un diseño completamente aleatorizado, se incluyó el cv. invernal Gospel (GOS), el primaveral e IMI-resistente Nexera 8450 (NEX) e híbridos *B. napus* x *B. rapa* (F1). En el ensayo VRN1 todos los individuos alcanzaron la etapa reproductiva. Los días a antesis para ambos cultivares fueron significativamente diferentes ( $p < 0,05$ ), mientras que los F1 presentaron un promedio de días intermedio entre GOS y NEX. En el ensayo VRN2 todas las plantas NEX florecieron; el 98,1% de los F1 alcanzaron la etapa reproductiva, y ningún individuo del biotipo GOS floreció debido a que no se cubrieron los requerimientos de frío necesarios. En conclusión, el flujo génico hacia *B. rapa* fue significativamente superior desde el cv. NEX. En tales condiciones, y ante una selección continua por herbicidas de esta familia, existe un riesgo potencial de persistencia de la resistencia en el ambiente.

## GPE 4

**CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE BIOTIPOS TOLERANTES A FRÍO EN *Helianthus petiolaris***

Gutierrez A.<sup>1</sup>, M. Poverene<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CERZOS-CONICET; <sup>2</sup>UNS, Argentina.  
E-mail: aguti@criba.edu.ar

En los últimos 15 años la zona de producción de girasol ha sido desplazada de la Región Pampeana hacia ambientes con mayor variabilidad ambiental. Siembras tempranas requieren una mayor tolerancia a las bajas temperaturas con el fin de optimizar el uso de los recursos de agua por el cultivo, especialmente en la etapa de plántula que es cuando el estrés por frío limita el crecimiento y la productividad. *Helianthus petiolaris* es un recurso genético silvestre que ha contribuido a la producción de cultivares modernos de girasol. En 2015 seleccionamos cuatro poblaciones de *H. petiolaris* por su mejor comportamiento frente a bajas temperaturas. Plantas de éstas y un híbrido comercial se aclimataron durante cinco días con un descenso gradual de la temperatura y se analizaron bajo los siguientes tratamientos: plantas sometidas a  $-3$  °C durante 1, 2 y 3 horas, plantas recuperadas durante siete días en invernáculo y control. Se evaluó la supervivencia y rasgos fisiológicos (contenido de clorofila, contenido de glucosa y conductividad de membrana). De 150 plantas analizadas sólo sobrevivieron 30 de la especie *H. petiolaris*. Los genotipos silvestres tuvieron una respuesta diferente según el tiempo de exposición al frío, influyendo también en su recuperación. Luego de 1 h sobrevivieron el 45% de las plantas, luego de 2 hs el 22,5% y luego de 3 hs el 8%. Las plantas más tolerantes al estrés por frío provenían de Catrillo, mientras las menos tolerantes fueron de Quenumá. Este germoplasma silvestre sería un recurso genético potencialmente útil para contribuir a la mejora de girasol.

## GPE 5

**EVIDENCIA DE ADAPTACIÓN LOCAL AL ESTRÉS POR CALOR EN BIOTIPOS INVASORES DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L.)**Hernández F.<sup>2</sup>, H. Irazabal, A. Presotto, M. Poverene.<sup>1</sup>Universidad Nacional del Sur; <sup>2</sup>CERZOS-CONICET.

E-mail: fhernandez@cerzos-conicet.gob.ar

El estrés por calor (EC) durante estadios reproductivos es considerado una de las principales limitantes actuales y futuras del rendimiento de los cultivos. El mejoramiento genético es una de las herramientas para superar esta limitante y los parientes silvestres son su principal fuente de variabilidad genética. Los objetivos del trabajo fueron: 1) evaluar la respuesta a EC en estadios reproductivos en girasol silvestre y cultivado (CULT) y 2) evaluar si existe una adaptación local al EC dentro del germoplasma silvestre. Para ello se taparon capítulos en anthesis durante siete días consecutivos con sobres blancos (control) y negros (estrés) en tres cultivares comerciales y 23 biotipos silvestres de girasol, ocho invasores (INV) y 15 nativos (NAT) durante dos años y se registraron cuatro variables reproductivas: diámetro y rendimiento del capítulo (DCAP y REND), número y peso de frutos (NF y PF). La adaptación local se evaluó mediante 13 variables climáticas (siete relacionadas a la temperatura y seis a las precipitaciones) para cada biotipo y se realizó un análisis de componentes principales. El EC afectó negativamente el NF y el REND en los 3 grupos (CULT, NAT e INV). Los INV fueron los más tolerantes al EC en ambos años. Cuando se compararon NAT e INV, el gradiente hídrico explicó la variación en la respuesta al EC, no así el térmico. Además, los INV mostraron mayor tolerancia al EC que los NAT aun en ambientes hídricos similares sugiriendo que otros factores, además de los climáticos, están involucrados en la tolerancia.

## GPE 6

**CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE POBLACIONES DE *Diatrea saccharalis* (F.), 1794 (Lep.: Crambidae) DE DIFERENTES CULTIVOS Y REGIONES DE ARGENTINA**Fogliata S.V.<sup>1,2,3</sup>, M.I. Herrero<sup>1,2,3</sup>, A.M. Vera<sup>1</sup>, A.P. Castagnaro<sup>1,2,3</sup>, G. Gastaminza<sup>1</sup>, M.I. Cuenya<sup>1</sup>, M.I. Zucchi<sup>4</sup>, M.G. Murúa<sup>1,2,3</sup>.<sup>1</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC); <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>3</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANO), Las Talitas, Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Piracicaba, SP, Brazil.

E-mail: sofiavfogliata@gmail.com

El barrenador de la caña de azúcar, *Diatraea saccharalis* (F.), presenta una amplia distribución a través del hemisferio occidental y es una plaga de numerosos cultivos como la caña de azúcar, el maíz, el sorgo y el arroz. Esto incrementó el interés sobre el conocimiento de la diversidad genética de esta especie y el flujo de genes dentro, y entre sus poblaciones, con el consiguiente intercambio de alelos entre las poblaciones geográficamente distantes. El objetivo de este estudio fue examinar la compatibilidad reproductiva y los posibles cambios en la estructura genética en poblaciones de Argentina, para determinar si este lepidóptero representa un complejo de especies crípticas, asociadas al hospedante y/o asociadas geográficamente. Diferentes combinaciones de cruza intra e interpoblacionales revelaron que las poblaciones de *D. saccharalis* de la región norte (Tucumán y Jujuy) y Centro (Buenos Aires y San Luis), recolectadas en diferentes cultivos (maíz y caña de azúcar) presentan evidencia de incompatibilidad pre-cigótica y post-cigótica. Por otra parte, estudios preliminares con el marcador mitocondrial COI (citocromo oxidasa I) mostraron 17 haplotipos diferentes con un porcentaje de variación entre las poblaciones que indica diferencias en la estructura genética. Es probable que ambos resultados sean el producto de una interrupción del flujo génico producido por el aislamiento asociado a la geografía o la planta hospedante, lo que sugeriría que las poblaciones de *D. saccharalis* del Norte y Centro de Argentina son un genotipo diferente y posiblemente una especie incipiente.

## GPE 7

## LA ANEUPLOIDÍA COMO DESENCADENANTE DE CAMBIOS EPIGENÉTICOS EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS SINTÉTICOS DE PAPA

Cara N.<sup>1</sup>, M.S. Ferrer, R.W. Masuelli<sup>1</sup>, E.L. Camadro<sup>2</sup>, C.F. Marfil<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza, CONICET-UNCuyo; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, CONICET.

E-mail: cmarfil@fca.uncu.edu.ar

Las especies silvestres de papa (*Solanum* sección *Petota*) están adaptadas a múltiples hábitats en el continente americano. Se ha propuesto a la hibridación homoploide como el principal motor de especiación y se ha sugerido que la poliploidía ha cumplido un papel importante en la expansión del rango de distribución de este grupo. Si bien la hibridación y la poliploidía han recibido una atención considerable, el rol de la hibridación interploide ha sido poco abordado para explicar la gran diversidad de papas silvestres. *Solanum x rechei* es un híbrido silvestre que sólo se ha encontrado creciendo en simpatria con sus especies parentales, el diploide *S. kurtzianum* B. y W. y el citotipo triploide de *S. microdontum* B. En este trabajo se desarrolló un modelo que incluye *S. x rechei* e híbridos intra- e interploides sintéticos *S. kurtzianum* x *S. microdontum*. El uso de híbridos sintéticos permite estudiar de manera precisa los cambios genéticos y epigenéticos inducidos por la hibridación. Los híbridos interploides, en su mayoría aneuploides, presentaron un número significativamente mayor de cambios de metilación que los intraploides. Además, algunos de los nuevos patrones genéticos y epigenéticos observados en híbridos sintéticos también estuvieron presentes en el híbrido natural. Se identificó un 33% de aneuploides entre los genotipos de *S. x rechei* analizados. Estos trastornos cromosómicos podrían ser la principal causa de la amplia variabilidad epigenética generada en híbridos interploides y establecida en la naturaleza en *S. x rechei*.

## GPE 8

## COMPORTAMIENTO REPRODUCTIVO EN POBLACIONES DE ESPECIES POLIPLOIDES DE *Paspalum*

Schedler M.<sup>1</sup>, D. Hojsgaard<sup>2</sup>, F. Galdeano<sup>1</sup>, C.A. Acuña<sup>1</sup>, C.L.

Quarin<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>3</sup>, E.J. Martínez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET, Corrientes; <sup>2</sup>Department of Systematics, Biodiversity and

Evolution of Plants, Albrecht-von-Haller Institute for Plant Sciences, University of Goettingen, Germany; <sup>3</sup>Instituto de

Biología Subtropical Nodo Posadas, CONICET-UNaM, Misiones. E-mail: schedlermara@gmail.com

La variación genética en las poblaciones naturales está influenciada por su modo reproductivo. La finalidad del estudio fue evaluar el modo reproductivo en poblaciones tetraploides de *Paspalum durifolium*, *P. intermedium*, *P. ionanthum*, *P. regnellii* y *P. urvillei*. Se analizaron cinco poblaciones por especie y cinco individuos por población. La expresión sexualidad:apomixis fue analizada en dos etapas: óvulo y semillas. A partir de la técnica de clarificado de pistilos y observación de los sacos embrionarios (SE) en el óvulo y mediante citometría de flujo midiendo el contenido relativo de ADN del embrión: endospermo en semillas. En óvulos, todos los individuos de las poblaciones de *P. regnellii* y *P. urvillei* mostraron sólo sacos meióticos (SM) o abortados (Sab). En *P. durifolium* y *P. ionanthum* la mayoría de los individuos mostraron SM o Sab, aunque en pocas plantas de ambas especies se observaron algunos óvulos mixtos con SM y sacos apospóricos (SA). Por su parte, todos los individuos de las poblaciones de *P. intermedium* mostraron óvulos con SA u óvulos mixtos (SM+SA). El análisis por citometría de flujo demostró que las semillas de todos los individuos de *P. durifolium*, *P. ionanthum*, *P. regnellii* y *P. urvillei* se originaron por sexualidad; mientras que en *P. intermedium* lo hicieron por ambas vías. Considerando ambas técnicas las poblaciones de *P. regnellii* y *P. urvillei* son de reproducción sexual, mientras que las de *P. durifolium* y *P. ionanthum* son básicamente sexuales con potencial para apomixis y las de *P. intermedium* son apomícticas facultativas.

## GPE 9

**CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE PROCEDENCIAS DE *Prosopis chilensis* (Leguminosae)**

Chequer D.<sup>1</sup>, C. Bessega<sup>1,2</sup>, M. Cony<sup>3</sup>, B.O. Saidman<sup>1,2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA) CONICET-Universidad de Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Centro Científico Tecnológico (CCT), Mendoza, Argentina.  
E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

En estudios previos en un ensayo familia-procedencias de *Prosopis chilensis*, instalado durante 1991, en El Sauce, Guaymallén, Mendoza, dentro del Programa de Conservación y Mejoramiento de especies nativas de algarrobo de El Monte, se compararon 4 rasgos cuantitativos (altura, diámetro basal, número de tallos y longitud de las espinas) de 4 localidades de esa bioregión (Chilecito, Mogna, Fiambalá y Villa Unión). Se observó baja heredabilidad y escasa diferenciación entre familias y procedencias. La única procedencia que se diferenció del resto fue Villa Unión, cuyos árboles mostraron menor altura. En este trabajo se evaluó la distribución de la variación genética entre los mismos orígenes en base a 6 SSR. Se analizaron 96 individuos de 16 familias. La variabilidad fue alta, con 2 a 7 alelos por locus y  $He = 0,72$ . La diferenciación no jerárquica entre orígenes ( $F_{ST} = 0,03$ ) fue altamente significativa. El AMOVA indicó que la mayor parte de la variación ocurre dentro de los individuos ( $\approx 80\%$ ). La diferenciación entre individuos se distribuye en un 45% dentro de familia, 50% ( $P < 0,001$ ) entre familias y sólo el 5% ( $P = 0,02$ ) entre procedencias. En consistencia con los estudios fenotípicos, Villa Unión es el único diferenciado molecularmente del resto. Cuando éste se excluye, la diferenciación entre orígenes no es significativa ( $P = 0,2$ ). Estos resultados destacan la necesidad de realizar selección no sólo entre procedencias, sino tomando en cuenta las diferencias entre familias e individuos dentro de cada familia.

## GPE 10

**ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN *Prosopis alba* DE LOS VALLES SECOS DE BOLIVIA**

Bessega C.<sup>1,2</sup>, R.P. Lopez<sup>3</sup>, D.M. Larrea-Alcázar<sup>4</sup>, B.O. Saidman<sup>1,2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), CONICET-Universidad de Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Carrera de Biología, Facultad de Ciencias Puras y Naturales, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia; <sup>4</sup>Asociación Boliviana para la Investigación y Conservación de Ecosistemas Andino-Amazónicos (ACEAA), La Paz, Bolivia.  
E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

El algarrobo blanco, *Prosopis alba*, es un árbol muy importante desde el punto de vista económico y ecológico en regiones semiáridas; y es utilizado por las comunidades para diversos propósitos: fabricación de muebles, herramientas, leña y carbón. El objetivo del presente trabajo fue analizar la diversidad y la estructuración genética de 3 poblaciones (Tahuapalca, Mecapaca y Huajchilla) ubicadas en los valles secos del centro norte de Bolivia (Departamento de La Paz) para aportar información útil que permita la conservación y el manejo de este recurso. Se analizaron 61 individuos coleccionados en un gradiente altitudinal (2100-3050 msnm) utilizando 10 microsátelites. Para las 3 poblaciones el nivel de variabilidad genética fue alto ( $H_o = 0,44-0,51$ ;  $A_r = 2,99-3,99$ ), aunque menor que el registrado en otras poblaciones de *P. alba*. Se observó exceso de heterocigotas ( $F_{is} = -0,01$ ;  $-0,03$  y  $-0,21$  respectivamente), aunque sólo fue significativo para la población de mayor altitud. Aproximadamente el 100% de la diferenciación entre individuos ocurrió entre poblaciones con un  $F_{ST}$  (0,04) altamente significativo ( $P < 0,01$ ). El análisis discriminante separó con claridad a las tres poblaciones. La diferenciación detectada entre estas poblaciones podría atribuirse a que las mismas son relativamente pequeñas y se ubican en valles entre los cuales el flujo génico estaría interrumpido. El  $F_{is}$  negativo es también consistente con un tamaño efectivo reducido en las poblaciones. Estos resultados contribuyen a optimizar programas de uso racional y mejoramiento de caracteres beneficiosos heredables.

## GPE 11

### EVALUACIÓN DEL SISTEMA DE FECUNDACIÓN Y LA COMPOSICIÓN GENÉTICA EN UN HUERTO CLONAL DE *Prosopis alba* (Leguminosae)

D'Amico I.<sup>1</sup>, C. Bessega<sup>1,2</sup>, M. Ewens<sup>3</sup>, B.O. Saidman<sup>1,2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Fernández, Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

*Prosopis alba* es muy importante ecológica y económicamente en regiones áridas y semiáridas de Argentina. Desde 2002 se establecieron los primeros huertos clonales con material seleccionado para mejoramiento genético forestal. La contaminación por polen externo y la autofecundación podrían reducir la calidad de las semillas. El objetivo de este trabajo fue la evaluación del sistema de fecundación y la composición genética en un huerto clonal de *P. alba* (Fernandez, Sgo. del Estero) fundado a partir de 12 árboles seleccionados por altura, producción de biomasa y frutos dulces dispuestos en 8 bloques aleatorizados. Se genotiparon 10 SSR en los clones y en la progenie de uno de ellos en todos los bloques, evaluándose 8 semillas por familia (n= 64). Con el objetivo de asignar los padres de cada individuo de la progenie se utilizaron el programa CERVUS 3.0 y el paquete MASTERBAYES del programa R. CERVUS permitió comprobar que con los 10 SSR usados la probabilidad de identidad entre hermanos fue sólo 0,001 y que cuando la madre es conocida la probabilidad de exclusión combinada de paternidad es de 0,995. Entre CERVUS y MASTERBAYES hubo un 89% de coincidencia en las asignaciones. La tasa de autofecundación resultó nula y el nivel de contaminación por polen externo fue de 31%. Cada familia fue fecundada por 3 a 6 padres, con una media de 4,4. El número de estado ( $N_s= 3,9$ ) fue equivalente a una población mendeliana de cuatro individuos. Estos resultados son relevantes para evaluar adecuadamente la calidad del material de propagación que puede obtenerse de los huertos.

## GPE 12

### ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Aspidosperma quebracho-blanco* SCHLTDL. (Apocynaceae) DEL CHACO SEMIÁRIDO Y HÚMEDO.

Almirón N.E.A.<sup>1,2</sup>, G.A. Robledo Dobladez<sup>1,2</sup>, V.G. Solís Neffa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET), Argentina; <sup>2</sup>FACENA-UNNE, Argentina. e-mail: emiliaalmiron@yahoo.com.ar

*Aspidosperma quebracho-blanco* es una especie emblemática del Gran Chaco. Su distribución abarca Bolivia, Uruguay, Paraguay y Argentina, donde alcanza su mayor extensión. En la actualidad, el cambio de uso de la tierra ha provocado la desaparición y fragmentación de miles de hectáreas de bosques nativos en esta región. En este contexto y en el marco de un proyecto tendiente a evaluar el efecto de la fragmentación del bosque sobre la diversidad y estructura genética de *A. quebracho-blanco*, se caracterizaron genéticamente 8 poblaciones empleando marcadores moleculares (AFLP). Además, se analizó la asociación entre los patrones de variabilidad y diferenciación genética de las poblaciones con las características del paisaje y el ambiente. Todas las poblaciones presentaron bandas exclusivas y valores altos en los índices estimados ( $H_e= 0,17$ ;  $PLP= 57,22\%$ ;  $I= 0,2$ ), aunque las poblaciones del Chaco Húmedo presentan menores valores que las del Chaco Semiárido. Los valores de  $Phist(0,2)$  indicarían una moderada diferenciación genética entre las poblaciones analizadas, siendo las poblaciones del Chaco semiárido las menos diferenciadas entre sí. Asimismo, los análisis realizados mostraron que la variabilidad genética no está estructurada y que las poblaciones forman dos grupos bayesianos que no se corresponden con las ecorregiones. Los resultados obtenidos hasta el momento sugieren que las características ambientales no constituirían importantes barreras al flujo génico, aunque habría una diferenciación entre las poblaciones a nivel de cuencas hidrográficas.



## GPE 13

## RELACIONES DEMOGRÁFICAS-HISTÓRICAS ENTRE POBLACIONES ARGENTINAS DE CURUPAY: FORMOSA ¿DE QUÉ LADO ESTÁ?

Zerda Moreira A.<sup>1</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Químicas y Naturales, UNaM; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas (CONICET-UNaM).

E-mail: andreazm.16@gmail.com

*Anadenanthera colubrina* var. *cebil* es una especie forestal sudamericana conocida como curupay, y es considerada como la especie más paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales, resultando atractiva para estudios filogeográficos. El objetivo de este trabajo fue analizar la relación demográfica-histórica de la población Formosa con las poblaciones argentinas de los núcleos Misiones y Pedemontano Subandino considerando la historia evolutiva de estos bosques. Se analizaron 91 individuos de diferentes poblaciones naturales mediante tres *loci* microsatélites de ADN cloroplástico. Se caracterizó la diversidad genética con el índice de diversidad haplotípica de Nei. Se determinó la estructura genética del conjunto de individuos mediante inferencia Bayesiana y se cuantificó la misma mediante el índice  $F_{ST}$ . Las relaciones filogenéticas entre los haplotipos se representaron en una red de tipo *Median-Joining*. Se determinó el escenario evolutivo más probable con el método *Approximate Bayesian Computation*. Se identificaron ocho haplotipos y se detectaron niveles reducidos de diversidad genética. Los individuos se agruparon en cuatro *clusters* presentando elevada estructura genética entre ellos ( $F_{ST} = 0,93$ ;  $p < 0,05$ ). Se detectó un único haplotipo en Formosa que tomó una posición intermedia en la red entre los haplotipos de Misiones y Pedemontano Subandino. El escenario más probable indicó que las poblaciones estudiadas resultaron de un mismo evento de divergencia ancestral ocurrido en el Pleistoceno tardío.

## GPE 14

## ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO EN *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* APLICANDO MODELOS DE PALEODISTRIBUCIÓN

Barrandeguy M.E.<sup>1,2,3</sup>, V. Moggi<sup>3,4</sup>, D.E. Prado<sup>3,4</sup>, M.V.

García<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Departamento de Genética, FCEQyN, UNaM; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET); <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; <sup>4</sup>Cátedra de Botánica, FCA, UNR e IICAR-CONICET, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe. E-mail: ebarran@fceqyn.unam.edu.ar

Los modelos de paleodistribución son modelos de nicho ecológico proyectados en modelos de clima histórico que permiten predecir el hábitat que una especie pudo haber habitado. Estos modelos se complementan con la filogeografía ya que sus inferencias pueden ser validadas de manera recíproca y juntas contribuyen al refinamiento de las hipótesis. Además, dentro de un linaje evolutivo, los modelos de paleodistribución y los datos genéticos deben ser recíprocamente consistentes para ofrecer hipótesis alternativas independientes y poner a prueba hipótesis particulares. Dado que *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* es una especie forestal nativa sudamericana y es considerada la más paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales, se infirieron sus rangos de distribución histórica a partir de modelos de paleodistribución para compararlos con su distribución actual. Se generó un modelo de distribución para esta especie mediante algoritmos de máxima entropía, empleando datos propios de presencia y datos del clima actual e histórico, obtenidos desde *Worldclim*. Dicho modelo fue proyectado sobre una reconstrucción del clima del último máximo glacial y del Holoceno medio para obtener los modelos de paleodistribución. Por otro lado, se definieron cuatro haplotipos mediante regiones no codificantes del ADN cloroplástico. Los resultados permiten inferir que los cambios climáticos posteriores al Holoceno produjeron condiciones óptimas para esta especie en Argentina. Los tiempos de divergencia estimados entre haplotipos concuerdan con los cambios en la distribución de esta especie.

## GPE 15

## ANÁLISIS DE POSIBLES EVENTOS DEMOGRÁFICOS EN UN FRAGMENTO POBLACIONAL DE *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* (Leguminosae) DEL SUR DE MISIONES

Goncalves A.L.<sup>1,2,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>, S.C. González-Martínez<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical (UNaM-CONICET); <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; <sup>4</sup>BioGeCo, INRA-Université Bordeaux, Cestas, France. E-mail: alejandragoncalves@fceqyn.unam.edu.ar

*Anadenanthera colubrina* var. *cebil*, conocida como cebil, es una especie paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales por estar involucrada en sus ciclos de retracción-expansión. Estos bosques se presentan fragmentados en América del Sur. En Misiones la extracción de madera es un evento antrópico reciente de relevancia. Se evaluó la posible influencia de eventos demográficos sobre un fragmento poblacional de cebil en el Sur de Misiones. Se analizaron 25 adultos mediante ocho loci microsatélites. Para evaluar la posible ocurrencia de eventos de cuello de botella recientes se estimó el estadístico  $T_2$  bajo un modelo mutacional de dos fases que resultó negativo y estadísticamente significativo ( $T_2 = -6,75$ ;  $p < 0,05$ ) indicando ausencia de cuello de botella reciente. Se determinó el modelo más probable de cambio demográfico empleando el método de análisis bayesiano ABC. Se definieron dos escenarios demográficos posibles basados en cambios recientes o históricos en el tamaño efectivo poblacional y se contrastaron con uno nulo de tamaño poblacional constante. El escenario más probable fue una expansión datada en 374 generaciones, lo cual coincidiría con cambios demográficos en el Pleistoceno. El Sur de Misiones está en un área de estabilidad histórica de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales, lo cual, sumado a la longevidad de los individuos, la elevada diversidad dentro de las poblaciones y las elevadas tasas potenciales de flujo génico, conferiría a la población analizada la capacidad de afrontar las consecuencias negativas del impacto antrópico reciente.

## GPE 16

## ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL EN POBLACIONES ARGENTINAS DE *Acacia aroma* (Fabaceae)

Pometti C.L.<sup>1</sup>, M. Ewens<sup>1,2,3</sup>, B.O. Saidman<sup>1,2</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires; <sup>2</sup>Estación Experimental Fernández-UCSE (Convenio Provincia Sgo. del Estero-Universidad de Catamarca). E-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar

*Acacia aroma* es una especie multipropósito ampliamente distribuida en la región Chaqueña Argentina. Para propósitos de conservación y restauración ecológica, es de particular interés identificar factores de importancia en la estructuración y en la diversidad intraespecífica de las poblaciones. En este trabajo, se utilizó la técnica de AFLP para estudiar la diversidad genética y detectar la existencia de estructura genética espacial (SGS) a escala fina en 6 poblaciones naturales argentinas de la especie *A. aroma*. El estudio de la SGS se realizó analizando la relación entre la co-ancestría estimada entre pares de individuos con la distancia geográfica. La técnica de AFLP reveló 401 loci informativos, para los cuales la heterocigosis media ( $H_E = 0,21$ ) y el porcentaje de loci polimórficos medio ( $PPL = 62,08\%$ ) indicaron que la variación genética de la especie es relativamente alta. La estructura genética espacial (SGS) fue significativa en 3 de las 6 poblaciones estudiadas ( $P < 0,05$ ). El tamaño del vecindario en estas poblaciones varió desde 15,15 hasta 64,28 individuos. La estimación de la dispersión genética depende de la densidad efectiva de las poblaciones y del nivel de perturbación en las mismas, y varió entre 45 y 864 m. Estos resultados sugieren que la estrategia de muestreo a tener en cuenta dentro de las unidades de manejo/procedencia para la colección de semillas de *A. aroma*, debería tomar árboles separados por distancias mínimas de 50 m pero preferentemente de 150 m para reducir el parentesco entre semillas de distintos árboles.

## GPE 17

## DIVERSIDAD GENÉTICA ENTRE DOS POBLACIONES DE *Acacia furcatispina* (Fabaceae), EVALUADA A NIVEL MOLECULAR MEDIANTE LA TÉCNICA DE AFLP

Cerdeira E.N.<sup>1</sup>, C.L. Pometti<sup>1</sup>, M. Ewens<sup>3</sup>, J. Vilardi<sup>1</sup>, B.O. Saidman<sup>1</sup>.  
E-mail: eliascerdeira@gmail.com

El género *Acacia* incluye más de 1.450 especies de distribución pantropical divididas en tres subgéneros: *Acacia*, *Aculeiferum* y *Phyllodineae*. *A. furcatispina* (*A. gilliesii*) pertenece al subgénero *Aculeiferum*, conocida vulgarmente como “garabato”, representa una especie ampliamente distribuida en América del Sur representando un importante recurso para leña, exudados y reforestación. Dado el deterioro que experimentan los ecosistemas de la Argentina es importante que se pongan en práctica planes de conservación y manejo sobre la base del conocimiento de la variabilidad y estructura genética de las poblaciones, con el fin de mitigar estos efectos. Un eficiente programa de explotación de caracteres beneficiosos debe basarse en el conocimiento de las características biológicas y genéticas, así como de las relaciones de parentesco entre las mismas. La propuesta de este estudio fue utilizar la técnica de AFLP para analizar los niveles de variabilidad y diferenciación genética en 2 poblaciones de *A. furcatispina*. El análisis de la estructura poblacional basado en 42 bandas AFLP indicó que el componente de variabilidad dentro de las poblaciones ( $H_w = 0,34$ ) es mayor que entre poblaciones ( $H_b = 0,05$ ) y que el grado de diferenciación genética estimado mediante  $F_{ST}$  (0,12) es significativo. El AMOVA indicó que la diversidad genética entre poblaciones representa el 9,1% de la varianza total, el 90,9% de la variación ocurre dentro de las poblaciones. Estos resultados concuerdan con los obtenidos para otras especies sudamericanas del género *Acacia*.

## GPE 18

## PRIMEROS ESTUDIOS DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE TIMBÓ DEL NE ARGENTINO

Martinotto C.G.<sup>1,3</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas (UNaM-CONICET); <sup>3</sup>Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica (CEDIT).  
E-mail: martinotto097@gmail.com

*Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong (Fabaceae, Mimosoidea) conocido como timbó, es una especie forestal nativa que se distribuye en el Norte de Argentina. Poblaciones naturales de esta especie persisten en el NE argentino sin disponerse aún de su caracterización genética. El presente trabajo tuvo como objetivo caracterizar la variabilidad genética en poblaciones naturales de esta especie. Se analizaron dos poblaciones naturales mediante 5 *loci* microsatélites nucleares: Eldorado (Misiones) e Ituzaingó (Corrientes). Se estimaron diferentes parámetros para caracterizar la diversidad genética, y la estructura genética poblacional se estudió mediante un análisis de varianza molecular (AMOVA). A partir de este análisis se infirió el índice de fijación  $F_{ST}$  y el coeficiente de endocría  $F_{IS}$ . Cuatro de los cinco *loci* fueron polimórficos en las muestras analizadas. La población Eldorado presentó mayor número de alelos ( $N_a = 2,8$ ) y menor diversidad genética ( $H_e = 0,336$ ) respecto a la población Ituzaingó ( $N_a = 2,6$ ;  $H_e = 0,365$ ). El mayor porcentaje de variación se encontró dentro de poblaciones (96,36%) y sólo el 3,64% de la variación se encontró entre poblaciones. Las poblaciones analizadas no presentaron estructuración genética ( $F_{ST} = 0,04$ ;  $p = 0,03$ ) ni rastros de endocría ( $F_{IS} = 0$ ;  $p = 0,96$ ). Esto evidencia una elevada diversidad genética y ausencia de estructuración genética debido a la presencia de pocos alelos a elevada frecuencia en ambas poblaciones.

## GPE 19

## ANÁLISIS DE LA BASE GENÉTICA DEL AUMENTO DE LA LONGEVIDAD POR RESTRICCIÓN EN LA DIETA EN LÍNEAS RECOMBINANTES DE *Drosophila melanogaster*

Gómez F.H.<sup>1</sup>, P. Sambucetti<sup>1</sup>, F.M. Norry<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires e Instituto de Ecología, Genética. E-mail: fedehgz@hotmail.com

La restricción dietaria (RD) es un estrés ambiental que puede retardar la tasa de senescencia, fenómeno conocido como hormesis. En este trabajo se investigó la base genética de la inducción de hormesis en la longevidad por niveles moderados de RD en el modelo *D. melanogaster* mediante la técnica de mapeo de QTL utilizando dos sets de líneas recombinantes endocriadas, RIL-SH2 y RIL-D48, obtenidas a partir de retrocruzas a líneas de alta y baja resistencia al estrés por calor, respectivamente. Los individuos experimentales fueron moscas desarrolladas en baja densidad larvaria. Los adultos fueron crecidos en tubos con medio de cultivo estándar para *Drosophila*. Luego de una semana se los transfirió a tubos con medio de cultivo pobre en nutrientes. Luego de 48 h en dicho medio, los individuos experimentales fueron transferidos nuevamente a medio de cultivo estándar hasta registrarse su muerte. Como control se registró la supervivencia de cada RIL a 25 °C en tubos con medio de cultivo estándar y en ausencia de tratamiento de RD. Los datos de supervivencia media se analizaron mediante ANOVA y el mapeo del intervalo compuesto se implementó con QTL-Cartographer. Tanto en machos RIL-D48 como en hembras RIL-SH2 se detectó un QTL en la región central del cromosoma 2, región implicada en la resistencia al estrés por calor y frío en estudios previos. Dentro de esta región de QTL algunos genes candidatos pueden ser importantes en la determinación de la variabilidad genética para la inducción de hormesis por RD dado que el carácter presenta variación genética en este estudio.

## GPE 20

## ANÁLISIS MORFOMÉTRICO Y MOLECULAR DE LA ESTRUCTURA A ESCALA FINA DE UNA POBLACIÓN ARGENTINA SALVAJE DE LA MOSCA SUDAMERICANA *Anastrepha fraterculus*

Rodríguez A.I.<sup>1</sup>, L.I. Ferreyra<sup>1</sup>, L. Paulin<sup>1</sup>, S.B. Lanzavecchia<sup>2</sup>, P.V. Gómez Cendra<sup>1,3</sup>, J.C. Vilardi<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento Ecología, Genética y Evolución, Genética de Poblaciones Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires; <sup>2</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-Universidad de Buenos Aires, Argentina. E-mail: irielrod@gmail.com

El presente trabajo es el primer estudio de estructura poblacional con SSR en *Anastrepha fraterculus* combinado con datos morfométricos, para determinar la estrategia de oviposición. Se colectaron guayabas infestadas de 9 árboles en la zona de Horco Molle, Tucumán. Se aplicó un diseño jerarquizado, registrando fruto y árbol de procedencia de cada individuo. Se midieron 6 rasgos morfométricos en 140 moscas. De ellas, 89 pudieron ser genotipadas para 8 SSR. El polimorfismo detectado fue alto ( $H_E = 0,71$ ,  $A = 12,5$ ) y los loci estarían en equilibrio gamético. El AMOVA mostró que  $\approx 83\%$  de la variación ocurre dentro de los individuos. Los porcentajes de varianza entre árboles, frutos e individuos fueron respectivamente 0, 50 y 50. Los análisis morfométricos univariados mostraron una tendencia similar, con valores 0, 64 y 34 para los mismos componentes. El análisis morfométrico multivariado sí detectó diferencias significativas entre árboles, siendo la escala 41, 29 y 30. Un DAPC con datos SSR mostró 2 grupos sin introgresión, evidenciando una estructura poblacional críptica. El DAPC basado en morfología detectó 6 a 7 grupos que no se asocian con los anteriores. Probablemente las diferencias morfológicas tengan una fuerte base ambiental. El  $F_{ST}$  no jerárquico (0,09;  $P < 0,01$ ) sugiere que en promedio, 3 hembras podrían ovipositar en cada fruto y que la estrategia reproductiva de la hembra sería cubrir un amplio rango ambiental durante la oviposición. Estos resultados podrían contribuir en una eventual aplicación de la TIE para controlar la población argentina de esta plaga.

GPE 21

## ANÁLISIS DE QTL PARA EL ÉXITO DE APAREAMIENTO EN CONDICIONES DE ALTA TEMPERATURA EN *Drosophila melanogaster*

Stazione L.<sup>1</sup>, F.M. Norry<sup>1</sup>, P. Sambucetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GERES, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, IEGEBA (CONICET-UBA).  
E-mail: leonelstazione@hotmail.com

Las altas temperaturas afectan la actividad de los seres vivos y pueden tener efectos directos sobre caracteres estrechamente relacionados al fitness como el éxito de apareamiento. El entendimiento de la arquitectura genética de este carácter resulta fundamental para entender la adaptación de las poblaciones a las altas temperaturas. En este trabajo se buscó identificar QTL (*Quantitative Trait Loci*) para el éxito de apareamiento en condiciones de moderada y alta temperatura. Para ello, se emplearon líneas RIL (*Recombinant Inbred Lines*) de *D. melanogaster* que se encuentran genotipadas para marcadores microsatélites en los tres cromosomas mayores. En cada RIL se midió el tiempo hasta el inicio de la cópula y el tiempo total de cópula bajo tres tratamientos térmicos, 25 °C, 33 °C y 33 °C luego de un pretratamiento de aclimatación. Se realizó un mapeo del intervalo compuesto utilizando el programa QTL-Cartographer. Se identificaron en total diez QTL, de los cuales ocho fueron específicos de temperatura y dos co-localizaron entre tratamientos (bandas 12D-F6 y 38E1-42A). Dos QTL co-localizan para ambos caracteres a 25 °C (bandas 30A3-D2 y 38E1-42A) y un tercero a 33 °C con pretratamiento (bandas 86E3-B2) siendo los restantes carácter específicos. Los resultados indican que existen QTL para el éxito de apareamiento específicos de temperatura. Algunos de estos QTL co-localizan con QTL de termotolerancia identificados en estudios previos (*e.g.* bandas 95C6-97F) sugiriendo pleiotropía o ligamiento de genes candidatos dentro de los QTL identificados.

GPE 22

## CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE POBLACIONES DE *Helicoverpa gelotopoeon* (D.) (Lep.: Noctuidae) DE DIFERENTES REGIONES Y PLANTAS HOSPEDERAS DE ARGENTINA

Herrero M.I.<sup>1,2</sup>, S.V. Fogliata<sup>1,2</sup>, A.S. Casmuz<sup>2</sup>, L.A. Fadda<sup>2</sup>, L.C. Dami<sup>1,2</sup>, A.P. Castagnaro<sup>1,2</sup>, G. Gastaminza<sup>2</sup>, M.G. Murúa<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA); <sup>2</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC).  
E-mail: maria\_inesherrero@hotmail.com

*Helicoverpa gelotopoeon*, la oruga bolillera de la soja, es una plaga polífaga del complejo Heliiothinae que produce severos daños a los cultivos de soja, algodón y garbanzo, entre otros. Algunas especies dentro de este complejo han desarrollado resistencia a cultivos genéticamente modificados e insecticidas, lo cual ha aumentado el interés por su diversidad genética y estructura poblacional. El objetivo de este estudio fue examinar la compatibilidad reproductiva entre poblaciones de *H. gelotopoeon* recolectadas en diferentes provincias y plantas hospederas de Argentina. Las cruces intra e interpoblacionales revelaron que las poblaciones de *H. gelotopoeon* de diferentes regiones y plantas hospederas de Argentina no presentaron evidencia de incompatibilidad precigótica y postcigótica, sugiriendo que las mismas pertenecen a una sola especie generalista de amplia distribución. Nuestros datos muestran una importante ocurrencia de flujo génico entre las poblaciones de *H. gelotopoeon*, probablemente debido a su comportamiento alimenticio polífago y la gran capacidad de dispersión que presentan las especies de Heliiothinae, la cual ha sido ampliamente documentada. Actualmente se están desarrollando estudios enfocados en examinar la estructura genética de las poblaciones de *H. gelotopoeon*, con el propósito de complementar y clarificar los resultados del presente trabajo y debido a su importancia en el manejo de la resistencia de los insectos a los cultivos transgénicos.

## GPE 23

### VARIACIÓN CLINAL Y EFECTOS MORFOMÉTRICOS DE TRES TRANSLOCACIONES ROBERTSONIANAS EN LA TUCURA DEL CAMALOTE *Cornops aquaticum* DEL RÍO URUGUAY

Colombo P.C.<sup>1</sup>, M.I. Remis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA, Argentina.  
E-mail: colombop@ege.fcen.uba.ar

La tucura del camalote, *Cornops aquaticum*, tiene una distribución Neotropical entre las latitudes 23° N y 35° S. En el extremo sur de su distribución sus poblaciones presentan polimorfismos para tres translocaciones robertsonianas que presentan una clina N-S sobre el río Paraná. Estos rearrreglos disminuyen la recombinación y sus frecuencias se incrementan hacia el S. En el presente trabajo se informan los resultados del estudio citogenético y morfométrico de seis poblaciones situadas a lo largo del río Uruguay. La clina descripta sobre el río Paraná se repite en el Uruguay, si bien ésta es más extensa y menos pronunciada. La translocación 2/5 está asociada con un aumento significativo en el tamaño de los individuos, en particular la longitud de las tegminas ( $P= 0,003$ ), variable que también está positivamente correlacionada con la dosis de las tres translocaciones ( $P= 0,015$ ). Como la frecuencia de este polimorfismo se incrementa hacia el S ( $P= 0,015$ ) y esta especie presenta mayor tamaño conforme aumenta la latitud (efecto Bergmann), sugerimos que esta correlación puede estar relacionada con un significado adaptativo de las fusiones que explique la clina cromosómica encontrada en *C. aquaticum*.

## GPE 24

### ROL DE LAS INVERSIONES CROMOSÓMICAS SOBRE LA DISTRIBUCIÓN DE LAS POBLACIONES SUDAMERICANAS DE *Trimerotropis pallidipennis* (Oedipodinae: Acrididae)

Guzman N.V.<sup>1</sup>, M.S. Rodriguez<sup>1</sup>, E.R. Castillo<sup>3</sup>, S.M. Pietrokovsky<sup>1</sup>, M.M. Cigliano<sup>2</sup>, V.A. Confalonieri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB), CONICET-UBA, FCEyN, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Estudios y de Vectores (CEPAVE), CONICET, Museo de La Plata, UNLP, La Plata, Argentina; <sup>3</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical (IBS) CONICET-UNaM.  
E-mail: nguzman@ege.fcen.uba.ar

*Trimerotropis pallidipennis* es un saltamonte que se distribuye en regiones áridas de América y presenta polimorfismo para 5-7 inversiones pericéntricas. Su origen es Neártico y se ha dispersado al sur del continente, donde ha alcanzado su mayor amplitud ecológica. Se postuló que esta capacidad de habitar ambientes más húmedos estaría asociada a la presencia de sistemas de inversiones cromosómicas mantenidas en estado polimórfico por selección natural, promoviendo la formación de complejos de genes localmente adaptados y posterior divergencia entre ecotipos. Con el objetivo de poner a prueba la influencia de factores orogénicos y climáticos como disparadores de adaptación a diferentes altitudes, y el rol de las inversiones cromosómicas durante los procesos de adaptación y especiación, se realizó un estudio citogenético, filogeográfico, y genómico-poblacional en dos clinas de *T. pallidipennis* en Argentina. Se analizaron los cariotipos y secuenciaron dos genes mitocondriales y uno nuclear en 138 individuos provenientes de ambas clinas. Una submuestra de 96 individuos fue genotipificada mediante RAD-Seq. Del análisis citológico se desprende que la presencia de polimorfismos para inversiones cromosómicas estaría asociada a ambientes cálidos. El análisis de las secuencias mitocondriales y nucleares reveló indicios de expansión poblacional reciente. Mediante RAD-Seq se identificaron alrededor de 4.115 SNPs a través del genoma, algunos de los cuales se tratarían de loci bajo selección. Se discute la posible importancia de estos loci en relación a los polimorfismos de inversiones.

## GPE 25

**RESISTENCIA GENÉTICA A GARRAPATA COMÚN DEL BOVINO EN REPRODUCTORES DE RAZA CRIOLLO ARGENTINO**

Ortega Masagué M.F.<sup>1</sup>, F.D. Holgado<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (CIAP-INTA), Leales, Tucumán, Argentina.

E-mail: florenciaortega4o@gmail.com

Dentro de *Bos taurus*, el bovino Criollo Argentino demuestra ser resistente a diversas enfermedades. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la resistencia a *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* en esta raza como parte de un estudio genómico. La capacidad del hospedador de limitar la proporción de garrapatas fijadas que sobreviven sobre ellos puede ser valorada considerando el porcentaje de una dosis conocida de larvas que completan su desarrollo como hembras ingurgitadas. Se realizaron 6 infestaciones parasitarias en periodos sucesivos cada 35 días con aproximadamente 20.000 larvas sobre 8 reproductores macho. La resistencia se calculó como el promedio en % de larvas de garrapatas que no lograron madurar a hembras repletas, asumiendo una relación 1:1 en el sexo de las larvas colocadas en los animales. El ganado con más de un 98% de resistencia se considera altamente resistente, entre 98 y 95% moderada, entre 95 y 90% baja y menos de 90% muy baja resistencia. Utilizando este sistema de medición, las estimaciones de heredabilidad han sido reportadas como bastante altas. Los valores promedio obtenidos para los animales evaluados en este trabajo fueron 99,69%; 98,80%; 99,57%; 99,41%; 99,64%; 99,44%; 99,61% y 99,21% respectivamente. De esta manera, se puede asumir que la raza Criollo Argentino es altamente resistente a la carga de garrapata común del bovino, lo que nos permite proponerlo como una alternativa atractiva para el desarrollo de la ganadería en las regiones endémicas para el mencionado ectoparásito.

## GPE 26

**CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL PIOJO *Haematopinus suis* EN POBLACIONES DE *Sus scrofa domestica* DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES**

Ruiz M.<sup>1</sup>, D.B. Acosta<sup>1,2</sup>, G.P. Fernández<sup>1</sup>, J. Sánchez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Bioinvestigaciones, Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CIT-NOBA), UNNOBA; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

E-mail: melanieruizog@hotmail.com

*Haematopinus suis*, piojo de *Sus scrofa*, constituye una de las principales vías de transmisión de organismos patógenos para este mamífero, provocando importantes pérdidas económicas en la producción porcina. En Argentina son escasos los estudios sistemáticos y genéticos en piojos de cerdos, desconociéndose la diversidad de especies y la variabilidad genética entre poblaciones de piojos asociados a distintos ambientes y razas hospedadoras. El objetivo de este trabajo es ampliar el conocimiento de *Haematopinus suis* mediante la caracterización genética de especímenes asociados a poblaciones de cerdos domésticos y ferales de localidades de la provincia de Buenos Aires: Junín, Viamonte, Acevedo y Bahía Samborombón (n= 40). Las muestras fueron identificadas morfológicamente bajo microscopio óptico. Para los estudios moleculares se extrajo el ADN de cada ejemplar y se amplificó mediante PCR un fragmento de 365 pb del gen citocromo oxidasa I (COI). Análisis preliminares, a partir de un total de 20 secuencias, indican la ausencia de polimorfismos para el fragmento amplificado, detectándose un único haplotipo que difiere en 51 sitios variables de la única secuencia disponible en *GenBank* para la especie. En este trabajo se brinda la primera caracterización molecular de *H. suis* de Argentina, sentando las bases para futuros estudios sobre su variabilidad genética en distintas regiones del país.

## GPE 27

## FILOGENIA DE BAGRES (*Trichomycterus*) DE LA PUNA BASADO EN DATOS MOLECULARES

Andreoli Bize J.M.<sup>1</sup>, L. Fernandez<sup>1,2</sup>, M. Hilal<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Diversidad Animal II, Facultad Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional Catamarca, Catamarca; <sup>2</sup>CONICET, Fundación Miguel Lillo, Tucumán; <sup>3</sup>Fisiología Vegetal, Facultad Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional Catamarca, Catamarca.  
E-mail: luis1813@yahoo.com

El género *Trichomycterus* incluye un grupo de bagres altamente diversificados en Sudamérica, ocupando variedad de ambientes desde la cordillera a la llanura. Es en los Andes donde este género encuentra numerosas especies endémicas, en particular en la Puna, siendo en muchos casos el único pez nativo de los arroyos endorreicos de altura. Las relaciones filogenéticas entre especies de *Trichomycterus* son poco conocidas, destacándose intentos morfológicos en especies del complejo *T. brasiliensis* o en estudios filogeográficos para Patagonia con *T. areolatus*. Este estudio presenta el primer análisis filogenético donde se incluyen especies de bagres de la Puna. La relaciones entre las especies fue inferido del ADN mitocondrial y nuclear de muestras obtenidas en campañas realizadas por los autores en cordillera. Los ejemplares a los que se les extrajo tejido fueron depositados en: AMNH, Nueva York; FACEN, Catamarca y FML, Tucumán. Sólo el grupo externo Nematogenyidae fue tomado del *Genbank*. La extracción, amplificación y secuenciación fue realizada en el AMNH, la edición y alineado con Sequencher, ClustalW y Bioedit; mientras que los análisis filogenéticos se empleó TNT. Dichos estudios mostraron dos grupos monofiléticos relacionados en la Cordillera que corresponden a los Andes Centrales y los Andes Sur. Las especies correspondientes a la Puna están incluidas en los AC, excepto dos especies que se relacionan a un grupo de especies de AS. Estos resultados coinciden en gran parte con las hipótesis morfológicas que se tienen para muchas de las especies aquí empleadas.

## GPE 28

## DIVERSIDAD GENÉTICA EN DOS POBLACIONES DE GALLINAS LOCALES PARAGUAYAS UTILIZANDO MICROSATÉLITES

Castro L.<sup>1</sup>, L. Núñez<sup>1</sup>, P. Pérez-Estigarribia<sup>2</sup>, O. Martínez-López<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Asunción, SL, Central, Paraguay; <sup>2</sup>Facultad Politécnica, Universidad Nacional de Asunción, P.O.Box: 2111 SL, Central, Paraguay; <sup>3</sup>Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Universidad Nacional de Asunción, SL, Central, Paraguay.  
E-mail: lcastro@vet.una.py

Este trabajo representa el primer estudio genético realizado a nivel molecular en poblaciones de gallinas locales de Paraguay. Estas poblaciones de gallinas locales contribuyen en la seguridad alimentaria de las familias paraguayas de zonas rurales. El objetivo fue evaluar la diversidad genética en las poblaciones de gallinas del Chaco Central (CC) y Ñeembucú (Ñ). Para ello, se utilizaron 30 marcadores microsatélites en las dos poblaciones locales. Fueron genotipados un total de 45 individuos procedentes de las dos áreas geográficas distantes, se analizaron, 22 gallinas de CC y 23 de Ñ. Los valores del número promedio de alelos fueron 5,87 para CC y 6,0 para Ñ, la heterocigosis esperada fue 0,679 en CC y 0,661 en Ñ, mientras que la heterocigosis observada en CC y Ñ fue de 0,570 y 0,518, respectivamente. Fueron identificados en ambas poblaciones, un total de siete alelos privativos con una frecuencia mayor al 10%. Todos los marcadores resultaron polimórficos, el valor medio del Contenido de Información Polimórfica fue de 0,614 en CC y 0,598 en Ñ. De todos los marcadores polimórficos el 33% presentaron desviaciones significativas del equilibrio de HWE en ambas poblaciones. Los resultados indican que estos grupos genéticos constituyen acervos de diversidad genética importantes, y que pueden servir de base para la implementación de programas de selección y conservación.



GPE 29

## ESTUDIOS FILOGENÉTICO Y POBLACIONAL DE ROEDORES SUBTERRÁNEOS DEL GÉNERO *Ctenomys* EN LA REGIÓN PAMPEANA

Carnovale C.S.<sup>1,4</sup>, M.E. Mac Allister<sup>1</sup>, M.L. Merino<sup>1,3</sup>, M.S. Mora<sup>2,4</sup>, G.P. Fernández<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de BioInvestigaciones/CIT NOBA-Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA); <sup>2</sup>Universidad Nacional de Mar del Plata (IIMyC, CONICET, UNMdP); <sup>3</sup>CIC; <sup>4</sup>CONICET.  
E-mail: ceci.carnovale@gmail.com

En la Reserva Provincial Parque Luro (La Pampa) se ha informado sobre la presencia de dos especies pertenecientes al género *Ctenomys*: *C. talarum* y *C. azarae*. Pese a ello, esta región presenta numerosas poblaciones de ctenómidos que aún no han sido debidamente estudiadas su morfología, taxonomía y variación genética a nivel poblacional. Con el objetivo de realizar una primera caracterización genética de los ctenómidos de la región Pampeana se llevaron a cabo muestreos en diferentes poblaciones (incluyendo Parque Luro), a partir de las cuales se obtuvieron las secuencias de un fragmento de la región control mitocondrial (410 pb). Dichas secuencias se analizaron en un contexto filogenético más amplio y se compararon con otras secuencias correspondientes a diferentes poblaciones del centro-este y noroeste de la provincia Buenos Aires; y a secuencias disponibles en *GenBank* provenientes de la región costera de la provincia de Buenos Aires. Resultados preliminares indicaron la presencia de tres nuevos haplotipos a los previamente reportados. Los análisis filogenéticos (máxima verosimilitud e inferencia bayesiana) agrupan en un mismo clado a las poblaciones de ctenómidos estudiadas, junto a especies ya asignadas al grupo mendocinus: *C. azarae* y *C. porteusii*, bien diferenciadas de un segundo clado que agrupa las poblaciones del noroeste y la región costera de Buenos Aires, asociadas a *C. talarum*. Este estudio contribuye a delinear los límites geográficos y filogenéticos de especies de *Ctenomys* pertenecientes a los grupos filogenéticos “talarum” y “mendocinus”.

GPE 30

## ANÁLISIS DEL PATRÓN GLOBAL DE METILACIÓN EN POBLACIONES EXPUESTAS Y NO EXPUESTAS A PLAGUICIDAS DE *Simulium wolffhuegeli* (Diptera)

Galarza M.P.<sup>1</sup>, E.A. Rosenbaum<sup>2</sup>, M.I. Remis<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA; <sup>2</sup>LIBIQUIMA-CITAAC (CONICET-UNCo).  
E-mail: paulagalarza\_5@hotmail.com

La metilación del ADN es uno de los mecanismos epigenéticos mejor estudiados y su variabilidad es crucial para promover la diversificación fenotípica en respuesta a diferentes presiones ambientales, como puede ser la aplicación intensiva de plaguicidas. Este trabajo tiene como objetivo evaluar los patrones globales de metilación en poblaciones expuestas y no expuestas a plaguicidas del díptero *Simulium wolffhuegeli* a través de la técnica MSAP (*Methylation Sensitive Amplified Polymorphism*). Se analizaron 34 individuos de poblaciones de zonas presionadas de Fernández Oro (Río Negro) y poblaciones no expuestas a dicha presión ambiental, en inmediaciones de Piedra del Águila (Neuquén). Se obtuvieron 82 sitios MSAP de los cuales 61 fueron loci susceptibles a metilación (MSL) y 21 no susceptibles a la metilación (NML). El 92% de los MSL y el 100% de los NML fueron polimórficos. Los AMOVAs utilizando el estadístico  $F_{ST}$  evidencian estructuración poblacional significativa tanto genética como epigenética ( $P < 0,0001$ ). Asimismo, un test de Mantel refleja una correlación significativa entre variación genética y epigenética ( $P = 0,000999$ ). El análisis del porcentaje de loci polimórficos no susceptibles comprueba que las poblaciones en ambientes expuestos presentan menor diversidad genética (52%) respecto de las poblaciones en ambientes no expuestos (62%). El análisis de loci susceptibles a metilación demuestra patrones epigenéticos diferenciales que podrían relacionarse con adaptación de esta especie a ambientes presionados por plaguicidas.

## GPE 31

**MODELO DE LA DINÁMICA POBLACIONAL DE LAS ENFERMEDADES POCO FRECUENTES EN LA PROVINCIA DE MISIONES**

Cribb J.L.<sup>1</sup>, P.L. Zini<sup>1</sup>, M.I. Ludojoski<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Humana de Misiones, Posadas, Misiones.  
E-mail:zinipablo@yahoo.com.ar

Las enfermedades poco frecuentes (EPF) son aquellas patologías que afectan a 1 cada 2.000 habitantes. Se calcula que actualmente en nuestro país hay un total de 3.200.000 personas afectadas; con un 80% de ellas de origen genético y los restante 20% de origen infeccioso, multifactorial o de causa aún desconocida. Los conocimientos sobre las EPF son aún muy recientes y están poco extendidos en la red sanitaria, dificultando su diagnóstico y tratamiento. Es propósito de este trabajo elaborar un modelo de la dinámica poblacional predictivo al año 2030, buscando evidenciar los elementos destacados, colaborar en la comprensión de las variables del modelo con fines epidemiológicos y contribuir con la gestión de políticas públicas. Para el desarrollo del modelo se tomaron las variables de nivel (población de Misiones, personas con EPF), variables de flujo (nacimientos, defunciones, inmigración, emigración, nuevos casos EPF, defunciones EPF) y variables auxiliares (tasa de natalidad, de defunción, de inmigración, de emigración, de nuevos EPF dentro de EPF, asesoramiento genético, entre otras). Como resultado obtuvimos los diagramas de influencias y de Forrester, los cuales arrojaron como datos predictivos entre otros: la tasa general de nuevos casos de EPF= 0,0005 y la tasa de nuevos casos de EPF de subpoblación de EPF= 0,005. Para el Año 2030 se espera un aumento de personas con EPF de 87.000 a 100.000, un aumento de nuevos caso de 1.700 a 2.700; y de defunciones de 1.250 a 1.500 personas. Esperamos este modelo contribuya al desarrollo de líneas de acción con respecto a las EPF.

## GPE 32

**GENOTIPADO DE UN POLIMORFISMO EN EL GEN ALDH1A1 PARA REALIZAR ESTUDIOS DE GENÉTICA DEL RIESGO DE ALCOHOLISMO**

Alcón P.<sup>1</sup>, D. Sartoni<sup>1</sup>, H.M. Borsetti<sup>1</sup>, E. Fumagalli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Estudios Celulares, Genético y Moleculares, Universidad Nacional de Jujuy.  
E-mail: emifumagalli@hotmail.com

El alcoholismo representa un grave problema para la salud pública en la región del NOA. Constituye una enfermedad compleja con componentes genéticos que resultan en factores de protección o factores de riesgo. Se han encontrado numerosas variantes genéticas dentro del genoma asociadas a esta enfermedad en diferentes poblaciones humanas. Muchas de estas variantes se encuentran en genes relacionados con el metabolismo del etanol, o cercanas a los mismos. Variantes en el gen *ALDH1A1* han sido asociadas al riesgo de alcoholismo en poblaciones caucásicas europeas. No existen datos sobre variantes de este gen en Argentina. Para analizar la posible asociación del polimorfismo rs610529 en el intrón 8 del gen *ALDH1A1* al riesgo de alcoholismo, se puso a punto la técnica de RFLP. De esta manera se pueden distinguir los 3 genotipos posibles. Es la primera vez que se utiliza RFLP para analizar dicho polimorfismo. Este estudio sienta las bases para el análisis de la genética del alcoholismo en la región.

**COMUNICACIONES LIBRES**



# **GENÉTICA HUMANA**



GH 1

## EL POLIMORFISMO RS4731702 (C/T) INFLUYE SOBRE EL PATRÓN DE METILACIÓN DEL PROMOTOR DEL GEN KRÜPPEL-LIKE FACTOR 14

Alvarez M.F.<sup>1</sup>, I.I. González<sup>1</sup>, G. Fernández<sup>1</sup>, M. Vasquez Gomez<sup>1</sup>, S.E. Siewert<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes, Facultad de Química Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis.  
E-mail: micaalvarez925@gmail.com

En los últimos años, los estudios de asociación de genoma completo (*GWAS*), nos han permitido identificar numerosos genes asociados con la Diabetes Tipo 2, dentro de los cuales se destaca el gen *KLF14*. Paralelamente, se ha avanzado en el estudio de la epigenética, la cual realiza modificaciones y regula el ADN sin cambios de secuencia. El objetivo del trabajo fue determinar la influencia del polimorfismo rs4731702 sobre el patrón de metilación del promotor del factor de transcripción *KLF14* en Controles y Diabéticos Tipo 2. El ADN genómico fue extraído usando un kit comercial (Kit Qiagen). La genotipificación del polimorfismo rs4731702 se llevó a cabo mediante Tetra *Primers* ARMS-PCR, con *primers* diseñados utilizando un programa accesible en Internet ([http://cedar.genetics.soton.ac.uk/public\\_html//primer1.html](http://cedar.genetics.soton.ac.uk/public_html//primer1.html)). El ensayo de metilación se realizó mediante conversión de ADN por bisulfito sódico usando un kit comercial (EpiTect Bisulfite, Qiagen) y posterior PCR punto final con *primers* BSP diseñados con el programa MethPrimer, cuyos productos se enviaron a secuenciar. Se observó un mayor porcentaje de metilación en pacientes diabéticos respecto a controles. Los portadores del genotipo CC muestran un aumento en la metilación respecto a los genotipos TT/CT. Nuestros resultados, si bien preliminares, demuestran que el rs4731702 influye sobre la metilación de la región promotora de *KLF14* y proporcionan una visión adicional para dilucidar las interacciones genéticas-epigenéticas que contribuyen en la Diabetes Tipo 2.

GH 2

## ACTUALIZACIÓN EN EL ESTUDIO DE MUTACIONES EN EL GEN HFE Y SU RELACIÓN CON LA PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA EN ARGENTINA

Varela L.S.<sup>1</sup>, G.N. Cerbino<sup>1</sup>, A. Batlle<sup>1</sup>, M.V. Rossetti<sup>1</sup>, V.E. Parera<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP)-CONICET, Hospital de Clínicas-UBA.  
E-mail: lauravarela@gmail.com

La hemocromatosis hereditaria (HH) es muy frecuente en la población caucásica. Se caracteriza por la presencia de depósitos de hierro, especialmente en hígado, y la cirrosis es su manifestación más importante. Existen 6 tipos de HH, siendo el gen HFE responsable de HH tipo I. La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) Hereditaria o Adquirida se manifiesta clínicamente por factores desencadenantes, como la sobrecarga de hierro. Del estudio de las mutaciones C282Y y H63D en HFE en distintas poblaciones se observó que C282Y es más frecuente en el norte de Europa y de América que en la población mediterránea. Además, su frecuencia está aumentada en pacientes PCT. Nuestro objetivo fue estudiar la prevalencia de C282Y y H63D en pacientes con diagnóstico de HH (n= 163) y de PCT (n= 117) y compararlos con un grupo control (n= 93). Se amplificaron los exones 2 y 4 de HFE con *primers* específicos y los productos se secuenciaron automáticamente. El 58,1% del grupo PCT y el 65,6% del control no portaban estas mutaciones. En el grupo PCT, 31,6% portaba H63D (26,5% heterocigosis, 5,1% homocigosis), 6,8% C282Y (5,1% en heterocigosis, 1,7% en homocigosis) y 2,6% eran doble heterocigotas. En los HH, 61,9% portaba H63D (55,8% en heterocigosis, 6,1% en homocigosis), 31,3% C282Y (19,0% en heterocigosis, 12,3% en homocigosis) y 1,8% eran doble heterocigotas. Si bien se observó una mayor frecuencia de estas mutaciones en HH, no se encontraron diferencias significativas entre el grupo PCT y el control, indicando que en nuestro país el desencadenamiento de la PCT no estaría asociado a la presencia de estas mutaciones.

## GH 3

### RISK ASSESSMENT BETWEEN CYP1A1 AND CYP2E1 GENE POLYMORPHISM AND THE OCCURRENCE OF HEPATIC CIRRHOSIS AND HEPATOCELLULAR CARCINOMA

Agren C.<sup>1</sup>, P.M. Biselli-Chicote<sup>1</sup>, M.M.U. Castanhole-Nunes<sup>1,2</sup>, A. Russo<sup>1</sup>, N.P. Peres<sup>1</sup>, R.C.M.A. Silva<sup>2</sup>, R.F. Silva<sup>2</sup>, E.C. Pavarino<sup>1,2</sup>, E.M. Goloni-Bertollo<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Molecular Biology Research Unit – UPGEM, São José do Rio Preto Medical School – FAMERP; São Paulo, Brazil; <sup>2</sup>Liver Tumors Study Group – GETF; São José do Rio Preto Medical School Foundation – FUNFARME; São Paulo, Brazil. E-mail: erika@famerp.br

Liver cancer is a common neoplasm, which ranks fifth in incidence and third in mortality worldwide. Studies have shown that polymorphisms in cytochrome P450 genes may contribute to the etiology of complex diseases. Polymorphisms in the genes of this family may alter the expression or function of the protein and influence the individual levels of detoxification that contribute to the development of liver diseases. The aim was investigate the association between the genetic polymorphisms CYP1A1\*2A, CYP1A1\*2C, CYP2E1\*5B and CYP2E1\*6 and the risk of hepatic cirrhosis and hepatocellular carcinoma (HCC). A total of 745 patients (257 patients, 488 controls) were evaluated. Polymorphisms were investigated by PCR-RFLP and Real-Time PCR. Characteristics such as gender, age and risk factors were analyzed. The results showed that age  $\geq 60$  years was associated with HCC ( $p < 0.001$ ) and age  $\geq 57$  years with cirrhosis ( $p < 0.001$ ). The polymorphisms CYP1A1\*2A, CYP1A1\*2C, CYP2E1\*5B and CYP2E1\*6 were not associated with risk of HCC and cirrhosis ( $p > 0.05$ ), as well as with CYP1A1 haplotypes ( $P > 0.05$ ). There was no interaction between polymorphisms and smoking, alcohol consumption and clinical parameters in HCC patients ( $p > 0.05$ ). Hepatitis B ( $p = 0.005$ ) and alpha fetoprotein  $> 500$  ng/mL ( $p = 0.018$ ) had association with HCC stages. CYP2E1\*5B polymorphism was associated with a reduction in survival in HCC patients ( $p = 0.023$ ). This study concludes that age is associated with the risk of developing HCC and cirrhosis, and CYP2E1\*5B polymorphism is associated with reduced survival in HCC patients.

## GH 4

### EXPERIENCIA DE UN AÑO DEL EQUIPO DE TRABAJO INTERDISCIPLINARIO DE GENÉTICA EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE NIÑOS.

Méndez C.M.D.<sup>1</sup>, J.C. Carabajal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Hospital Interzonal de Niños "Eva Perón". E-mail: damigen@yahoo.com.ar

Los últimos años han producido vertiginosos avances en la práctica de la Genética Médica que han permitido consolidar esta disciplina como una especialidad médica en la mayoría de los países desarrollados. En Argentina sólo algunos centros hospitalarios públicos tienen servicios de Genética y su actividad es cualitativamente muy variable. Atentos a esto, se crea en 2015 el Equipo de Trabajo Interdisciplinario de Genética. Con el objetivo de analizar la experiencia de un año, se obtuvieron datos demográficos, epidemiológicos y clínicos y se realizó el cálculo de frecuencias de los mismos. Se tomaron datos de historias clínicas de 42 pacientes que ingresaron al servicio de genética de enero a diciembre de 2016. Mediante estudio de tipo descriptivo, cuantitativo de corte transversal y retrospectivo, se analizaron los datos en Excel y SPSS, utilizándose  $\chi^2$  para pruebas estadísticas. El diagnóstico definitivo más frecuente corresponde al Síndrome de Down (33%); el 40% sigue en estudio. Los pediatras derivaron por consultorios externos el 50% ( $P = 0,001$ ) y el 10% por demanda espontánea. El 55% no poseían cobertura social. El 26% provenía de capital y no hubo diferencia significativa según edad ( $P = 0,165$ ). El 45% al momento de la consulta se encontraba en el rango de 1 y 4 años, siendo más frecuentes los menores de 1 año según el RENAC para nuestra provincia. Destacamos el rol del Médico Pediatra, aún sin contar con Médico Genetista, que contuvo a todos los pacientes y sus familiares en el ámbito local; no se registraron derivaciones sin cobertura social.

GH 5

## EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE EN LOS GENES *AURK-A* Y *CCND1* EN PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE DE LA POBLACIÓN ECUATORIANA

Gutiérrez B.<sup>1</sup>, C. Paz-y-Miño<sup>2</sup>, B. Montesdeoca<sup>2</sup>, P.E. Leone<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador; <sup>2</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad Tecnológica Equinoccial, Quito, Ecuador. E-mail: belgutiérrez93@gmail.com

Los SNPs o polimorfismos de nucleótidos simple son cambios de un solo par de base nitrogenada en la secuencia del ADN, este pequeño cambio puede estar relacionado con el desarrollo de enfermedades debido al cambio que ocurre en la secuencia proteica al momento de su traducción. El mieloma múltiple es un cáncer de tipo hematológico que afecta a personas de la tercera edad. Su incidencia a nivel mundial es baja en comparación con otros cánceres, y en el Ecuador existen pocos estudios relacionados a esta enfermedad. Previamente, nuestro grupo aplicó el estudio de arrays en una batería de líneas celulares de mieloma múltiple identificando alteraciones en los genes *AURK-A* y *CCND1*. Es por eso que el objetivo de esta investigación es evaluar polimorfismos en estos genes en pacientes ecuatorianos con mieloma múltiple, y asociar los datos obtenidos con sus respectivas historias clínicas. Los polimorfismos estudiados fueron el rs2273535 del gen *AURK-A* y el rs9344 del gen *CCND1*. Se encontró que el polimorfismo rs2273535 no presenta diferencias significativas entre el grupo de pacientes y el grupo control, a diferencia del polimorfismo rs9344 el cual presentó un valor muy próximo a la significancia estadística, pudiendo estar asociado al mieloma múltiple.

GH 6

## EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE EN LOS GENES *VEGF* Y *EGFR* EN PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE DE LA POBLACIÓN ECUATORIANA

Guadalupe P.<sup>1,2</sup>, C. Paz-y-Miño<sup>1</sup>, G. Muñoz<sup>2</sup>, V.H. Espín<sup>2</sup>, P.E. Leone<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad Tecnológica Equinoccial, Quito, Ecuador; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador; <sup>3</sup>Laboratorio de Genética, Hospital Carlos Andrade Marín, Quito, Ecuador. E-mail: peguadalupe@udlanet.ec, paola.leone@ute.edu.ec

El mieloma múltiple (MM) es una neoplasia clonal de células plasmáticas, con una incidencia de 5,9/100.000 habitantes. Previamente, se ha descrito la expresión del gen *VEGF* con la neoangiogénesis ósea y mal pronóstico, mientras que el gen *EGFR*, perteneciente a los receptores tirosina quinasa, implicado en la patogénesis y progresión de diferentes tipos de carcinomas. En la presente investigación, se analizó la relación de los polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) -2578C→A, -1498C→T, -1154G→A, -634G→C y +936C→T del gen *VEGF* y los SNPs rs759171 A→C y 55.017.893G→A del gen *EGFR*, la última variante no se encuentra reportada en el NCBI. Mediante pruebas estadísticas, se obtuvo una relación significativa ( $p < 0,05$ ) en las frecuencias genotípicas entre pacientes y controles para los SNPs -2578C→A, -1154G→A, -634G→C. Por otra parte, los SNPs -1154G/A y rs759171 A/C no se encuentran en equilibrio de Hardy-Weinberg, ya que su valor  $p$  fue menor a 0,05. En cuanto, al riesgo de desarrollar MM dependiendo de las variantes genotípicas se encontró significancia ( $p < 0,05$ ) en los genotipos C/A de -2578 C→A, así también en A/A y G/A+A/A de -1154G→A, por último en C/C y G/A y A/A de +936C→T. Correlacionando los SNPs con el historial clínico, se evidenció significancia entre -1154G→A con el sistema de estadiaje de la enfermedad, niveles de IgA y albúmina; +936C→T y niveles de hemoglobina, y 55.017.893G→A y niveles de leucocitos. Los resultados obtenidos en esta investigación contribuyen a entender el papel de los genes *VEGF* y *EGFR* en el mieloma múltiple del Ecuador.

GH 7

### OPTIMIZACIÓN DE TETRA PRIMER ARMS PCR PARA LA GENOTIPIFICACIÓN DE RS972283 (G/A) DEL GEN KLF14

Zabala A.S.<sup>1</sup>, M.F. Alvarez<sup>2</sup>, I.I. González<sup>1</sup>, G. Fernández<sup>1</sup>, M. Vasquez Gomez<sup>1</sup>, S.E. Siewert<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Diabetes, Facultad de Química Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis. E-mail: asofia.zabala@gmail.com

El factor de transcripción *Krüppel-like factor 14* (KLF14) ejerce efecto pleiotrópico sobre 10 genes asociados a síndrome metabólico, incluyendo obesidad, dislipemia e insulino resistencia. Recientemente, el rs972283 (G/A) del gen KLF14 se encontró asociado con Diabetes Mellitus Tipo 2, donde el alelo G confiere un mayor riesgo a la enfermedad. *Tetra Primer ARMS PCR* es un método de detección de SNPs sencillo, económico y rápido permitiendo el genotipificado de un gran número de muestras, comparado con otras metodologías como ASO-PCR, PCR-RFLP y secuenciación directa de ADN. El objetivo del trabajo fue optimizar un protocolo *Tetra Primer ARMS PCR* para la discriminación alélica de rs972283 del gen KLF14. Se utilizaron 50 muestras de ADN. Los pares de *primers* se diseñaron utilizando el *software Primer1*. Se verificó la especificidad con *software on-line*. Se probaron diferentes concentraciones de *primers outers* e *iners*. Las condiciones óptimas fueron 0,08  $\mu$ M *primers outers* y 0,04  $\mu$ M *primers inners*, relación 2:1. Se realizó PCR en gradiente: Tanneling 60 °C. La mejor amplificación se logró con Taq Pegasus, 0,7 unidades/20 $\mu$ l de Vol. final. El ensayo detectó inequívocamente los alelos G y A del rs972283 de KLF14 al visualizar ambas bandas alélicas y la de los *primers outers*, según los tamaños previstos. La genotipificación fue concordante cuando se validó por ASO-PCR. Los resultados del ensayo indican que la optimización realizada fue adecuada y es una alternativa idónea para la discriminación de los alelos de interés, presentes en el gen KLF14.

GH 8

### INFLUENCIA DE AGENTES AMBIENTALES INORGÁNICOS EN LOS PATRONES DE METILACIÓN DEL ADN EN UNA POBLACIÓN DE NIÑOS Y EN UN MODELO EXPERIMENTAL EN RATAS

Ratti S.G.<sup>1</sup>, N. Vizioli<sup>2</sup>, C. Carignano<sup>3</sup>, M. Cioccale<sup>3,4</sup>, E.O. Álvarez<sup>1,5</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Neuropsicofarmacología Experimental, Facultad de Ciencias Médicas, UNCuyo, Mendoza, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Química Analítica y Físico-Química, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, IQUIFIB-CONICET, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC, Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>CICTERRA (UNC-CONICET), CIGEA (UNC-CNEA), Córdoba, Argentina; <sup>5</sup>IMBECU-CONICET, Mendoza, Argentina. E-mail: silratti@gmail.com

Epigénesis es el proceso mediante el cual el individuo se adapta eficazmente a su entorno a partir de la información contenida en el código genético. Uno de los mecanismos epigenéticos es la metilación del ADN. Un cambio en el patrón de metilación del genoma impactará sobre la expresión fenotípica. Se exploró la posibilidad de que un elemento de la geoquímica ambiental pudiera modificar los patrones de metilación y alterar la expresión fenotípica del gen HSR. Se estudiaron niños escolarizados de dos regiones de la provincia de La Rioja geológicamente diferentes. Los resultados del análisis molecular del ADN de los niños por electroforesis capilar de alta resolución, mostraron que la relación de concentración relativa de Citosina No metilada/ Citosina Metilada (RC/CM) fue significativamente más alta en los niños de la región 2 que en los de la región 1 (RC/CM= 31,7  $\pm$  15  $\mu$ mol/L, región 2 *Versus* RC/CM= 2,25  $\pm$  2  $\mu$ mol/L, región 1, p<0,01). Las expresiones fenotípicas asociadas al gen HSR se encontraron alteradas en la región 2. Se detectó en el agua de la región 2 que el telurio se encuentra en concentraciones anormales no tóxicas. Se diseñó un modelo experimental en ratas tratadas con telurio de sodio en concentraciones de 0,3  $\mu$ g/L en el agua de beber. Los resultados obtenidos fueron equivalentes a los encontrados en los niños con respecto a la desmetilación del ADN y a las alteraciones fenotípicas. La regulación epigenética se puede afectar por la incorporación al organismo de un elemento químico ambiental.



GH 9

## ACTIVATION OF THE TNF- $\alpha$ SIGNALING PATHWAY THROUGH THE TNFR2 RECEPTOR AND ANTI-APOPTOTIC GENES IN GASTRIC CANCER

Rossi A.F.T.<sup>1</sup>, J.C. Contiero<sup>1</sup>, A.E. Silva<sup>1</sup>. <sup>1</sup>UNESP-Universidade Estadual Paulista, Brasil.

E-mail: anabete@ibilce.unesp.br

Chronic inflammation by *Helicobacter pylori* infection can lead to the development and progression of gastric cancer. Among the inflammatory mediators, activation of tumor necrosis factor (TNF)- $\alpha$  can lead cell survival or apoptosis mediated by binding to the TNFR1 receptor, which contains a death domain, or TNFR2 able to activating only the cell survival pathway. We investigated whether gene expression of the TNF- $\alpha$  signaling pathway is altered in gastric cancer samples. RT-qPCR with TaqMan<sup>®</sup> assay was used to evaluate the RNAm expression of TNFA, TNFR1, TNFR2, TRADD, TRAF2, CFLIP, CASP3, CASP8, NFKB1, NFKB2 and the references genes (ACTB, GAPDH) in 31 gastric cancer samples. Relative quantification (RQ) was calculated by 2-DDCt method using normal mucosa pool as calibrator. mRNA expression of TNFA (RQ= 3.78), TNFR2 (RQ= 1.98), TRADD (RQ= 2.14), TRAF2 (RQ= 3.70), CFLIP (RQ= 2.03), CASP8 (RQ= 2.58) and NFKB2 (RQ= 2.16) was significantly increased in gastric cancer related to normal mucosa, while expression of TNFR1 (RQ= 0.66) and CASP3 (RQ= 0.29) was decreased, and NFKB1 showed basal expression. Therefore, results show that TNF- $\alpha$  signaling pathway is altered in gastric cancer leading to the induction of TNFR2-mediated cellular survival, which activates NF- $\kappa$ B and negatively influences apoptosis triggered by TNFR1. Decreased expression of TNFR1 and CASP3, besides the increased expression of TRAF2, CFLIP and NFKB2 indicate a predominance of anti-apoptotic mediators on the pro-apoptotic, so inhibiting apoptosis. These findings suggest TNFR2 as a promising target for molecular therapy of gastric cancer.

GH 10

## GST AND CYP MOLECULAR BIOMARKERS ASSOCIATED TO CLINICAL FACTORS IN BREAST CANCER

Santos S.P.<sup>1</sup>, A.L.S. Galbiatti-Dias<sup>1</sup>, A.P.D. Gimenez-Martins<sup>1</sup>, P.M. Biselli-Chicote<sup>1</sup>, J.L.E. Francisco<sup>2</sup>, E.C. Pavarino<sup>1</sup>, E.M. Goloni-Bertollo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genetics and Molecular Biology Research Unit (UPGEM), São Jose do Rio Preto Medical School, FAMERP; <sup>2</sup>Department of Gynecology and Obstetrics, Base Hospital, São José do Rio Preto Medical School (FAMERP), Brasil.  
E-mail: eny.goloni@famerp.br

Breast cancer is a leading cause of death in women worldwide. The xenobiotic metabolism may contribute to breast carcinoma development and polymorphisms in genes encoding enzymes in this pathway have been associated to breast cancer. The objectives was to investigate the influence of the *GSTM1* null polymorphism, *GSTT1* null *CYP1A1\*2A* and *CYP1A1\*2C* at the risk for breast cancer; to evaluate the association of polymorphisms and risk factors (age, smoking, alcohol, clinical features) in breast cancer, and tumor clinical and histopathologic features. The case-control study included 752 women, 219 patients and 533 controls. Molecular analysis were performed by PCR-multiplex (*GSTM1* null and *GSTT1* null), PCR-RFLP (*CYP1A1\*2A*) and real-time PCR (*CYP1A1\*2C*). MINITAB was utilized to statistical analysis and  $p < 0.05$  was considered significant. The results showed that older women and alcohol consumption had increased risk for developing breast cancer ( $p < 0.05$ ). Women with breast cancer had slightly higher frequency (51%) of the *GSTM1* null genotype than women without cancer (49%), however this difference was not statistically. *GSTT1* null genotype was also not associated with breast cancer. *CYP1A1\*2A* polymorphism was associated with risk for breast cancer and *CYP1A1\*2C* polymorphism was more frequent in tumors with no distant metastases ( $p < 0.05$ ). We concluded that women with age advanced and etilists present increased risk for breast cancer development. *CYP1A1\*2A* is associated with breast cancer and *CYP1A1\*2C* is related to women with no distant metastases.

GH 11

### VARIANTES ALÉLICAS DEL GEN FMR1. SCREENING EN RECIÉN NACIDOS DEL HOSPITAL MATERNO NEONATAL (HMN) DE LA CIUDAD DE POSADAS

Depasquino A.F.<sup>1</sup>, E.J. Yesa<sup>2</sup>, M.C. González<sup>2</sup>, S.M. Tognon<sup>2</sup>, M.G. Gómez Pereyra<sup>2</sup>, M. Vega<sup>2</sup>, C. López<sup>2</sup>, R. Fernández<sup>2</sup>, G. Teo<sup>2</sup>, F. Vallejos<sup>2</sup>, A.E. Dos Santos<sup>2</sup>, M.M. Miretti<sup>1</sup>, C.F. Argüelles<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética Aplicada (GIGA), Instituto de Biología Subtropical (IBS), CONICET-UNAM; <sup>2</sup>Hospital Materno Neonatal (HMN), Parque de la Salud "Dr. Ramón Madariaga". E-mail: afdepasquino@gigalab.com.ar

El Síndrome del X Frágil es una de las causas más frecuentes de discapacidad intelectual ligada al cromosoma X. Esta discapacidad es provocada por la ausencia o disminución de la proteína codificada por el gen FMR1, debido a una alteración en la región 5'UTR del gen, que involucra la repetición 5'CGG3'. El objetivo del trabajo fue evaluar la prevalencia de las variantes alélicas del gen FMR1 en una muestra de recién nacidos del Hospital Materno Neonatal del Parque de la Salud de Posadas-Misiones, durante el periodo mayo 2013-junio 2014. El diagnóstico molecular se efectuó a partir de ADN extraído de sangre depositada en cartón FTA, previo consentimiento. Posteriormente se realizó una ronda de amplificación por PCR gen-específica y una segunda ronda de amplificación por PCR CGG repeat, que permitieron discriminar alelos de tamaño: normal (AN), intermedio (AI), premutado (APM) y full mutado (AFM)). De un total de 500 muestras (PCR gen-específica) en ♀= 100 y ♂= 400, se obtuvieron 113 perfiles analizables, ♂= 88 y ♀= 25. En la segunda ronda de PCR (PCR CGG repeat) se buscó comprobar la cigosidad de los amplicones de mujeres en aquellas donde se observó una única banda. Del total de muestras con perfiles analizables se determinó las frecuencias para el AI, APM y AFM: 0,125, 0,2 y 0 para niñas y 0,0833, 0,0114 y 0 para niños respectivamente. A través de la metodología utilizada, se realizó el *screening* de las diferentes variantes alélicas en un importante número de muestras, facilitando la obtención de datos para estimar la prevalencia de las variantes alélicas en la región.

GH 12

### ESTUDIO DE LOS POLIMORFISMOS MDM2 309T>G Y MDM2 285G>C EN LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA

Martínez Lahitou I.M.<sup>1</sup>, M.B. Fontecha<sup>1</sup>, I. Larripa<sup>1</sup>, N. Weich<sup>1</sup>, A.F. Fundia<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Hematológica, IMEX, CONICET-ANM, Buenos Aires, Argentina. E-mail: arielafundia@gmail.com

El gen de fusión BCR-ABL1 característico de la leucemia mieloide crónica (LMC) es eficientemente bloqueado por inhibidores de tirosina quinasa (ITKs), aunque el 35% de los pacientes muestran resistencia. Recientemente reportamos que el SNP TP53 215C>G influye en la variabilidad de respuesta a los ITKs. Como el gen MDM2 es un regulador negativo de TP53, el objetivo fue estudiar el rol de dos SNPs del promotor de MDM2 en LMC. Se evaluaron 122 pacientes tratados (58 mujeres; edad media: 50,83 años). Se empleó PCR-RFLP para estudiar los SNPs 309T>G y 285G>C con las enzimas de restricción MspA1 y SacII, respectivamente. La falta de respuesta a ITKs se definió a nivel citogenético y molecular. El análisis estadístico se efectuó con el test de Fisher. Se observó que 58 pacientes no respondieron al tratamiento, 22 de los cuales presentaron mutaciones en el ABL1. Las frecuencias genotípicas del SNP 309 fueron: TT (0,31), TG (0,52) y GG (0,17); mientras que para el SNP 285 fueron: GG (0,96) y CC (0,04), no se detectaron pacientes con genotipo heterocigota. La distribución de los genotipos de ambos SNPs en función de parámetros clínicos: edad, sexo, fase de enfermedad, índice de Sokal, presencia o no de mutaciones, respuestas citogenética y molecular, sobrevida libre de evento y nivel del BCR-ABL1, no mostró diferencias significativas para ninguna de las comparaciones realizadas. El análisis de genotipos combinados tampoco mostró diferencias significativas. Este estudio preliminar indica que los polimorfismos del gen MDM2 no influyen en la respuesta a los ITKs.

## GH 13

**ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN MDR1 EN LA ASOCIACIÓN ENTRE PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA Y VIH**

Pagnotta P.<sup>1,2</sup>, J. Zuccoli<sup>1</sup>, V. Melito<sup>1,2</sup>, J. Lavandera<sup>3</sup>, V. Parera<sup>1</sup>, A. Batlle<sup>1</sup>, M.V. Rossetti<sup>1</sup>, A.M. Buzaleh<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP), Hospital de Clínicas, CONICET, UBA; <sup>2</sup>Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA; <sup>3</sup>Cátedra de Bromatología y Nutrición, Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, UNL. E-mail: anamaria@qb.fcen.uba.ar, melito@qb.fcen.uba.ar

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT) se desencadena por drogas hepatotóxicas y virus hepatotrópicos. En Argentina, el 17% de los PCT son portadores del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) siendo poca la evidencia acerca de si la infección y/o la terapia antirretroviral se relacionan con la manifestación de la PCT. En el gen de Resistencia a Multidrogas 1 (MDR1) hay 3 polimorfismos de nucleótido simple (SNP) de alta frecuencia en los exones 12 (c.1236 C>T), 21 (c.2677G>T/A) y 26 (c.3435 C>T) que afectan la expresión de la glicoproteína transportadora de xenobióticos y antirretrovirales. Los exones 12, 21 y 26 fueron genotipificados en individuos control, PCT y PCT-VIH. Para completar el estudio se analizó una población VIH (n= 26). La frecuencia del alelo T fue: 0,46 (exón 26), 0,33 (exón 12) y 0,38 (exón 21). Las frecuencias genotípicas fueron: Exón 26: CC 23,1%; CT 61,5% y TT 15,4%. Exón 12: CC 33,3%; CT 66,7% y TT 0%. Exón 21: GG 34,6%; GT 42,3%; TT 15,4%; TA 3,9% y GA 3,9%. La frecuencia del alelo T del exón 26 en los VIH fue levemente inferior pero no significativa respecto de los PCT y PCT-VIH. En cambio, para el exón 21, el grupo VIH mostró una frecuencia del alelo T similar al control y al PCT, siendo en todos significativamente diferente de los PCT-VIH; mientras que para el exón 12, la diferencia fue con la cohorte PCT. En conclusión, el SNP del exón 21 de MDR1 podría relacionarse con el desencadenamiento de la PCT en individuos VIH vinculado a la terapia antirretroviral, mientras que el polimorfismo del exón 12 se asociaría con otros factores de riesgo.

## GH 14

**ANÁLISIS DE HAPLOTIPOS DE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIPO SIMPLE DEL CYP1A1 Y CYP1A2. SU RELACIÓN CON EL DESENCADENAMIENTO DE LA PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA**

Gordillo D.M.<sup>1</sup>, L. Abou Assali<sup>1</sup>, G.N. Cerbino<sup>1</sup>, L.S. Varela<sup>1</sup>, A. Batlle<sup>1</sup>, V.E. Parera<sup>1</sup>, M.V. Rossetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias (CIPYP)-CONICET, Hospital de Clínicas-UBA. E-mail: diegomiguelgordillo@gmail.com

La Porfiria Cutánea Tardía (PCT), la más frecuente de las Porfirias es consecuencia de una disminución en la actividad de la uroporfirinógeno decarboxilasa (UROD). Esto ocurre en todos los tejidos en PCT hereditaria (PCT-H) o sólo en hígado en PCT adquirida (PCT-A). En PCT-H, la heterocigosidad para una mutación en la UROD no es suficiente para desarrollar la sintomatología. En ambas PCT varios factores de susceptibilidad: alcohol, hierro, estrógenos, hidrocarburos policíclicos aromáticos e infección con virus hepatotrópicos contribuyen a la deficiencia de la UROD hepática. Estudios en otras poblaciones sugirieron que las isoformas CYP1A1 and CYP1A2 del citocromo P450 (CYP) estarían implicadas en la metabolización de compuestos que inhibirían la UROD hepática y desencadenarían la PCT; sin embargo los resultados son conflictivos. Se analizaron 4 polimorfismos en pacientes PCT-H (26) y PCT-A (19) comparados con un grupo control (20) con el objetivo de estudiar su rol en el desencadenamiento de la sintomatología de la PCT en Argentina. Se utilizó PCR-RFLP y secuenciación para el análisis de los polimorfismos: rs762551 del CYP1A2 (-163A@ C); rs1799814 o m4 (C4887A), rs1048943 o m2 (A4889G) y rs4646903 o m1 (T6235C) del CYP1A1. Para el análisis estadístico se utilizaron los tests de Fischer y SNPStats. El análisis mostró un haplotipo de riesgo cuando se confrontó el grupo PCT-H *vs.* control (m4, m2, m1, 1A2; C A T A) p= 0,022; dos para PCT total *vs.* control (C G T A) y (C G C A) ambos con un p<0,0001. No se encontró haplotipo de riesgo para PCT-A *vs.* control.



COMUNICACIONES LIBRES



# GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL



## GMA 1

## EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN SIMULTÁNEA CON COBRE Y ZINC SOBRE LA INTEGRIDAD DEL ADN Y LA APOPTOSIS EN CÉLULAS DEL CÚMULUS BOVINO

Picco S.<sup>1</sup>, G. Padula<sup>1,2</sup>, J.P. Anchordoquy<sup>1</sup>, J.M. Anchordoquy<sup>1</sup>, C. Furnus<sup>1</sup>, A. Seoane<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria Ing. Fernando Noel Dulout (IGEVET)-FCV, UNLP- CONICET; <sup>2</sup>Facultad de Cs. Naturales y Museo, UNLP.  
E-mail: aseoane@fcv.unlp.edu.ar

El cobre (Cu) y el zinc (Zn) son minerales esenciales para la salud y el crecimiento del ganado. Nosotros exploramos el efecto concomitante de la suplementación con Cu y Zn en células del cúmulus bovino (CC) cultivadas *in vitro*. Nuestra hipótesis consistió en que el aumento concomitante de las concentraciones de Cu y Zn reduciría el daño en el ADN y la apoptosis en CC. Se utilizaron sulfato de Cu y de Zn en las siguientes concentraciones: 20 µg/dl Cu y 70 µg/dl Zn (CuZn 1), 50 µg/dl Cu y 100 µg/dl Zn (CuZn 2), y 80 µg/dl Cu y 150 µg/dl Zn (CuZn 3). Se analizó la integridad del ADN por medio del ensayo Cometa y la inducción de apoptosis temprana por tinción con Anexina-V. Los parámetros de daño en el ADN disminuyeron significativamente cuando las células se expusieron a la combinación menor (CuZn1) ( $p < 0,001$ ) y aumentaron significativamente cuando se utilizaron las otras combinaciones. La frecuencia de células apoptóticas mostró diferencias significativas entre el control negativo y CuZn3 ( $p < 0,05$ ), CuZn1 con CuZn2 ( $p < 0,05$ ), y CuZn1 con CuZn3 ( $p < 0,05$ ). Nuestros resultados muestran que la suplementación combinada de Cu y Zn en una relación menor a 0,3 podría ser beneficiosa para la integridad del ADN y para prevenir la apoptosis en CC; mientras que cuando la proporción de CuZn es mayor de 0,5 se genera daño en el ADN y muerte celular. En conclusión, si bien la suplementación con Cu y Zn puede ser beneficiosa, por encima de ciertos límites el aumento de la cantidad relativa de Cu se transforma en perjudicial para el sistema celular estudiado.

## GMA 2

## EXPRESIÓN DE TRES ISOFORMAS DE ARNm DE CALPASTATINA EN DOS MÚSCULOS DE NOVILLOS ANGUS

Motter M.M.<sup>1</sup>, P.M. Corva<sup>2</sup>, M. Baillares<sup>3</sup>, L.A. Soria<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata; <sup>3</sup>CEICH M.A.A. INTA Chascomús.  
E-mail: lsoria@fvvet.uba.ar

El grado de tiernización postmortem de la carne es afectado por la actividad de la enzima Calpastatina. Esta se encuentra codificada por el gen CAST, el cual posee cuatro promotores y tres sitios de poliadenilación y manifiesta *splicing* alternativo. El objetivo de este trabajo fue establecer la relación entre la expresión de tres isoformas de CAST (I, II y III) y la proporción relativa de tres tipos de fibra (AR Ia, AR IIa y AR IIx) en los músculos infraespinoso y semitendinoso de 7 novillos Angus. La cuantificación de isoformas se realizó en forma relativa (Rq) utilizando  $\beta$ -actina como gen de referencia en un *StepOne* Real-Time PCR System. En el músculo infraespinoso, que presenta una alta proporción de fibras Ia y IIa, se observó una expresión significativamente inferior de la isoforma I ( $0,76 \pm 0,36$ ) y la III ( $1,21 \pm 0,22$ ) en relación con semitendinoso (I= $1,19 \pm 0,12$  y III= $1,6 \pm 0,34$ ), el cual posee mayor proporción de fibras IIx. La isoforma II resultó la menos expresada y no mostró diferencias significativas entre músculos. Un análisis de regresión lineal determinó asociación positiva entre la proporción de AR IIx y la expresión de las isoformas I ( $p=0,0036$ ) y III ( $p=0,03$ ) y asociación negativa entre las proporciones de AR Ia ( $p=0,045$ ) y AR IIa ( $p=0,004$ ) con la isoforma I. En estudios previos se estableció que la expresión de CAST es significativamente superior en semitendinoso que en infraespinoso, por lo tanto estos resultados sugieren que dichas diferencias dependerían de una expresión diferencial de isoformas según tipo de músculo, lo que estaría relacionado con la composición del tipo de fibra de cada uno.

## GMA 3

### IDENTIFICACIÓN DE ISOFORMAS DE CALPASTATINA EN DOS MÚSCULOS BOVINOS POR RNASEQ

Corva P.M.<sup>1</sup>, A.M. Castellote<sup>2</sup>, M.M. Motter<sup>3</sup>, L.A. Soria<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata; <sup>2</sup>INTA E.E.A. Balcarce; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires.  
E-mail: corva.pablo@inta.gob.ar

El gen de Calpastatina (CAST) concita interés en Mejoramiento Genético Animal por su relación con el proceso postmortem de tiernización de la carne. CAST tiene una regulación compleja de la expresión que incluye el uso de cuatro promotores, *splicing* alternativo y sitios variables de poliadenilación. Aún no se ha clarificado completamente el rol que cumple la variabilidad de su expresión sobre la calidad de la carne. Para orientar la definición de experimentos de RT-PCR, se realizó la identificación de isoformas de CAST en dos músculos de la vaca a la que corresponde el genoma bovino de referencia mediante RNA-Seq. Se utilizaron las bibliotecas SRR2226612/13/14 (*Semitendinosus*) y SRR2226615/16/17 (*L. dorsi*) descargadas de la división SRA de NCBI. La alineación de secuencias (*paired-end reads*) con el genoma de referencia (Btau8), la integración de transcritos y la comparación de isoformas de cada músculo se realizó respectivamente con los programas TopHat, Cufflinks/Cuffmerge y Cuffdiff. Se identificaron más isoformas que las cuatro definidas en el transcriptoma de referencia (RefSeq). Se detectaron diferencias entre músculos en la abundancia relativa de isoformas, predominando la isoforma I y la isoforma III, ambas sin el exón 3 y con 3'-UTR largas, en *Semitendinosus* y *L. dorsi* respectivamente. Estos resultados destacan la importancia de mejorar la anotación del transcriptoma de referencia. También pueden ser de utilidad en la caracterización del gen y en la definición de su rol en la determinación de la terneza de la carne a través de diferentes músculos de la res.

## GMA 4

### MAPEO DE LA REGIÓN GENÓMICA ASOCIADA A LA PRESENCIA/AUSENCIA DE CUERNOS EN BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINO

Ortega Masague M.F.<sup>2</sup>, A. Falomir Lockhart<sup>1</sup>, M.E. Zappa<sup>1</sup>, P. Peral García<sup>1</sup>, F.D. Holagado<sup>2</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEVET (UNLP-CONICET); <sup>2</sup>Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (IIACS), INTA Leales.  
E-mail: guillermogiovambattista@gmail.com

El bovino Criollo Argentino se caracteriza por la presencia de cuernos, sin embargo es común la aparición de animales romos. En otras razas taurinas esta característica ha sido mapeada en el extremo centromérico del cromosoma 1. En la Estación Experimental del INTA Leales (Leales, Tucumán) se han seleccionado animales sin cuernos. Es por esta razón que el objetivo del presente trabajo consistió en mapear la región cromosómica involucrada en la presencia/ausencia de cuernos en la raza criolla argentina mediante un estudio de GWAS, utilizando un modelo de caso control. Para ello se genotiparon 65 animales (39 mochos y 26 astados) con un *microarrays* de SNPs de alta densidad (640 K). La comparación entre las frecuencias génicas de los dos grupos se llevó a cabo mediante el método exacto de Fisher utilizando el programa Plink v1.07. Los resultados obtenidos evidenciaron 77 SNPs estadísticamente significativos ( $P < 9 \times 10^{-7}$ ), los que se localizaban principalmente en una región de 4,19 Mb (1,23-5,43 Mb). Dicha región incluye 31 genes, incluyendo el gen IFNGR2. Estos resultados concuerdan con lo reportado para otras razas bovinas. Dado que varias mutaciones causales han sido propuestas en diferentes razas, estudios adicionales son necesarios para determinar si la ausencia de cuernos en el bovino criollo es consecuencia de una mutación independiente, o es causada por una alguna de las mutaciones reportadas.



## GMA 5

**ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS PRÓXIMOS AL GEN *IFNGR1* Y PRESENCIA DE BRUCELOSIS EN CAPRINOS**

Hasenauer F.C.<sup>1</sup>, U.A. Rossi<sup>1</sup>, M.E. Caffaro<sup>2</sup>, M.A. Raschia<sup>2</sup>, M. Cano-Pereira<sup>2</sup>, H.S. Córtez<sup>3</sup>, R. Neumann<sup>3</sup>, A. Salatin<sup>3</sup>, M.A. Poli<sup>2</sup>, C.A. Rossetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Patobiología, CICVyA-INTA, Hurlingham, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, Hurlingham, Argentina; <sup>3</sup>Área de Salud Animal, IIACS-INTA, Salta, Argentina.  
E-mail: rossetti.carlos@inta.gov.ar

La brucelosis caprina, causada por bacterias del género *Brucella*, es una zoonosis con impacto económico negativo en el sector productivo. El marcador microsatélite BMS2753 próximo al gen *IFNGR1* (*Receptor 1 del Interferón Gamma*) fue asociado con el fenotipo de susceptibilidad a tuberculosis en bovinos. El objetivo de este trabajo fue evaluar si los polimorfismos de ese microsatélite también estaban asociados a la ausencia o presencia de brucelosis en caprinos. Se llevó a cabo un estudio de casos (n= 57) - controles (n= 77) en tres majadas caprinas criollas no emparentadas de la provincia de Salta. Los animales se clasificaron según los resultados serológicos a brucelosis y el ADN se extrajo a partir del bulbo piloso. Los polimorfismos se determinaron por PCR-electroforesis capilar y la asociación a través del Test Exacto de Fisher. El microsatélite analizado presentó gran variabilidad, detectándose 10 alelos (216, 222, 230, 232, 234, 238, 240, 242, 244 y 248) y 26 genotipos. El análisis de asociación encontró asociación significativa ( $p < 0,05$ ) entre el alelo 222 y la presencia de anticuerpos anti-*Brucella*. Los resultados presentados indicarían que este alelo del microsatélite próximo al gen *IFNGR1* se asocia al fenotipo de susceptibilidad a la infección por *Brucella* en caprinos. Sería necesario confirmar esta asociación evaluando un número mayor de animales. De corroborarse estos resultados en futuros estudios, la selección genética podría considerarse como una herramienta complementaria en los programas de erradicación de la brucelosis en caprinos.

## GMA 6

**ESTUDIO MOLECULAR DE 4 POBLACIONES CAPRINAS DE LA ZONA DE INFLUENCIA DE LA UNLP A TRAVÉS DE UN ANÁLISIS DISCRIMINANTE**

Cattáneo A.C.<sup>1</sup>, M.E. Caffaro<sup>2</sup>, P. Peral García<sup>1</sup>, M.A. Poli<sup>2</sup>, A.G. Antonini<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV, UE-CONICET-UNLP); <sup>2</sup>Instituto de Genética, CICVyA, INTA Hurlingham.  
E-mail: cattaneo.ac@gmail.com

La producción de cabras en la provincia de Buenos Aires se desarrolla como un modelo destinado a la producción de carne y leche, utilizando animales criollos por su rusticidad y reproductores de razas lecheras como la Saanen y la Anglo Nubian. El objetivo del trabajo fue identificar poblaciones caprinas de la cuenca lechera de Abasto mediante el uso de marcadores moleculares a través de un análisis discriminante. Se tomaron muestras de ADN de 140 cabras adultas de 4 establecimientos de producción doble propósito de la provincia de Buenos Aires, que se encuentran ubicados en la cuenca lechera de Abasto. Para el genotipado se utilizaron 12 microsatélites de la lista de los marcadores moleculares propuestos por FAO. Los microsatélites fueron amplificados por PCR multiplex, los fragmentos se separaron en electroforesis capilar en un secuenciador automático de 16 capilares Applied Biosystems ABI 3130xl. Los genotipos se obtuvieron utilizando el *software* geneMapper. A partir de los datos obtenidos, y utilizando el programa Statgraphics Centurión se realizó un análisis discriminante. Al graficar los resultados obtenidos se observó el agrupamiento de las poblaciones caprinas formadas por criollos cruza con Saanen y Nubian (destinadas a la producción de carne y, como producto secundario, leche), de las poblaciones con fenotipos Saanen y Anglo Nubian (destinadas principalmente a la producción láctea) alrededor de sus respectivos centroides. Por tanto se podría concluir que sería posible asignar los animales a una determinada explotación a partir del conocimiento de su genotipo.

## GMA 7

### QTL AFECTANDO CARACTERES DE FIBRAS EN UNA POBLACIÓN RETROCRUZA CAPRINA ANGORA X CRIOLLO USANDO MARCADORES MICROSATÉLITES EN EL CHI19

Cano E.M.<sup>1</sup>, S. Debenedetti<sup>2</sup>, M.A. Poli<sup>1</sup>, H.R. Taddeo<sup>3</sup>. <sup>1</sup>INTA, CICVyA Instituto de Genética "Ewald A. Favret", Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>MAGyP, El Bolsón, Río Negro, Argentina; <sup>3</sup>INTA EEA Bariloche, Bariloche, Río Negro, Argentina.

E-mail: canopereira.ema@inta.gob.ar

Los principales caprinos productores de fibra son las cabras de Angora que producen el mohair y las razas Cashmere y Criollas que producen el cashmere. En Argentina, la producción de mohair y cashmere se concentra en la región norte de la Patagonia (Neuquén, Río Negro y Chubut). El objetivo de este estudio fue la búsqueda de loci que afectan caracteres productivos del vellón en una población retrocrusa (BC) Angora x Criollo. El diseño BC usado fue: 5 carneros Angora apareados al azar con 23 hembras Criollas para producir la F1. Los machos F1 padres de familia fueron apareados con 120 hembras Criollas y 30 hembras Angora para generar 353 hijos retrocruzados nacidos en tres años consecutivos (2006 al 2008). Un total de 513 animales fueron genotipados para 9 microsatélites informativos en un segmento del cromosoma 19 caprino (CHI19). Muestras del vellón fueron tomadas de todos los hijos retrocruzados a los 5 meses de edad. Las muestras de fibras fueron analizadas en el Laboratorio de Fibras Textiles del INTA Bariloche. Fueron registrados 19 caracteres del vellón. La detección de QTL se llevó a cabo con el programa GridQTL que utiliza un método de regresión con múltiples marcadores. Dos QTL afectando peso limpio de vellón cashmere ( $p < 0,05$ ) y largo de mecha para fibras mohair ( $p < 0,01$ ) fueron localizados en la región central del CHI19. Recientemente, la disponibilidad de un microarreglo caprino de 52K SNP abre la oportunidad del estudio en profundidad de la arquitectura genética de caracteres productivos de interés económico.

## GMA 8

### IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES CON PROBABLE PÉRDIDA DE FUNCIÓN EN EL GEN FGF5 DE LLAMAS CON FENOTIPO "LANUDO"

Daverio M.S.<sup>1</sup>, E.A. Aquilano<sup>1,2</sup>, L. Vidal-Rioja<sup>1</sup>, E.N. Frank<sup>3</sup>, F. Di Rocco<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CCT-CONICET La Plata, CICPBA, UNLP, Buenos Aires; <sup>2</sup>Laboratorio de Genética Molecular Poblacional, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CCT-CONICET La Plata, CICPBA, UNLP; <sup>3</sup>INRASUS-CONICET-Universidad Católica de Córdoba. E-mail: m.sil.daverio@outlook.com

La llama posee buena capacidad de producción de fibra siendo el largo de mecha una característica que influye en la calidad. Aunque se han caracterizado algunos genes relacionados con otros caracteres productivos, la base genético-molecular del control del crecimiento de la fibra de los camélidos todavía es poco conocida. Se sabe que el gen FGF5 (factor de crecimiento de fibroblasto 5) participa en la regulación del ciclo de crecimiento del folículo piloso y que ratones knock-out para este gen presentan un crecimiento excesivo del pelo. El objetivo de este trabajo fue caracterizar FGF5 y su variación en llamas con fenotipo "lanudo" mediante secuenciación. El gen está compuesto por tres exones que codifican 813 pb. El análisis del ARNm obtenido de muestras de fibra reveló la expresión de dos transcritos alternativos de FGF5, en uno de las cuales el exón 2 está ausente. Identificamos 4 polimorfismos en la región codificante del gen: c.210A>G, c.348delA, c.351\_352insATATAACATAGC y c.499C>T. La deleción siempre se observó junto con la inserción, formando un haplotipo que codifica una proteína truncada de 123 aminoácidos. El SNP c.499C>T también provoca un codón de stop prematuro, R167\*. Todas las llamas analizadas (n= 20) fueron homocigotas para una de las mutaciones deletéreas o heterocigotas para las dos. La secuenciación de muestras de guanacos mostró que en esta especie silvestre de pelo corto el gen FGF5 codifica una proteína completa de 270 aminoácidos. Los resultados obtenidos sugieren que FGF5 probablemente sea funcional en el guanaco y no funcional en llamas "lanudas".

## GMA 9

**CARACTERIZACIÓN E IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS EN EL GEN KRTAP8.1 DE LLAMA, CANDIDATO PARA CALIDAD DE LA FIBRA**Alcolea Ersinger V.<sup>1</sup>, M.S. Daverio, L. Vidal Rioja, F. Di Rocco.<sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CCT-CONICET La Plata, CICPBA, UNLP.

E-mail: vicalcoleaersinger@gmail.com

Las proteínas asociadas a queratina (KAP) son parte de las proteínas estructurales de la fibra que determinan sus propiedades. KAP8 está codificada en la mayoría de las especies por un único gen, KRTAP8.1, que pertenece a la familia de genes de queratina de menor tamaño. Estudios realizados en ovejas y cabras mostraron que KRTAP8.1 presenta varios polimorfismos, y que esta variación podría afectar las características de la fibra. Las llamas argentinas tienen una excelente capacidad para producir fibra, pero uno de los principales problemas es la falta de uniformidad y la finura en las tropas. El objetivo del estudio fue determinar si KRTAP8.1 es variable en llamas e identificar polimorfismos que potencialmente puedan afectar la estructura de KAP8. Se amplificaron por PCR 21 muestras y se secuenciaron. Se obtuvieron 609 pb incluyendo parte de las regiones 5' y 3'UTR. La región codificante de KRTAP8.1 consta de un exón de 189 pb que codifica una proteína de 62 aminoácidos y presenta un porcentaje de similitud de 96,8% con KAP8 alpaca, y 76,2% y 74,6% con cabra y oveja, respectivamente. Se identificaron 4 polimorfismos no sinónimos c.43T>C, c.45C>A, c.46G>T, c.173A>G que generaron 8 genotipos diferentes. Además, dos animales fueron heterocigotos y uno homocigoto para un polimorfismo localizado 5 pb aguas arriba del codón de inicio ATG, en la región conocida como secuencia de Kozak. Esta región está involucrada en la regulación de la eficiencia de la traducción. La asociación de estos polimorfismos y las características de la fibra en llamas se abordará en futuros estudios.

## GMA 10

**EVALUACIÓN DEL GENOTIPO MAGRARIO EN CONDICIONES DE SUPLEMENTACIÓN POSDESTETE PARA LA PRODUCCIÓN DE CORDEROS PESADOS EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA**Vazquez G.<sup>1</sup>, V. Herrera<sup>2</sup>, P. Sosa<sup>3</sup>, H. Keilty<sup>3</sup>, L.A Picardi<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Becaria EDULive, Facultad Ciencias Agrarias, UNR; <sup>2</sup>INTA Catamarca;<sup>3</sup>Facultad Ciencias Veterinarias, UNR; <sup>4</sup>CIUNR, Facultad Ciencias Agrarias, Campo Villarino, UNR.

E-mail: lpicardi@unr.edu.ar

La actividad ovina en nuestro país para producir carne se basa en obtener corderos livianos o lechales. Sin embargo esta producción puede diversificarse obteniendo el llamado cordero pesado (35 a 40 kg). En el Campo Villarino de la UNR se llevó a cabo un programa de retrocruzas de la raza Ideal hacia la Texel con el fin de obtener un nuevo biotipo denominado Magrario (M) para producir corderos pesados que no depositen grasa, aun en condiciones de suplementación posdestete. Machos M de seis meses de edad sometidos a confinamiento posdestete en el campo de la UNR alcanzan un peso promedio (P, kg) de  $38,6 \pm 0,8$  y una estimación de la eficiencia de conversión de alimentos a través del Aumento Medio Diario relativo (AMDr) de  $0,62 \pm 0,03$ . Para establecer un protocolo de corderos pesados que permitan una estrategia de diversificación para productores de la provincia de Catamarca se comenzó un ensayo de adaptación de 11 corderos M a las condiciones del Campo Santa Cruz (INTA). Estos corderos fueron evaluados en corrales bajo condiciones ambientales de la provincia. La dieta consistió en una ración (5% del peso vivo registrado en forma semanal) de 2% heno de alfalfa, mezcla de maíz y un concentrado proteico de 38% PB (energía metabolizable de 2,5 Mcal/kg MS). A los seis meses de edad estos corderos alcanzaron un  $P=39,9 \pm 1,5$  y  $AMDr=0,54 \pm 0,06$ . El estado corporal varió entre 2,2 y 3,0. Estos resultados sugieren que los corderos M pueden adaptarse a estas condiciones para producir corderos pesados y eventualmente integrar un programa de mejora en la zona con este objetivo.

## GMA 11

## ANÁLISIS DEL EFECTO DE POLIMORFISMOS DE UN SOLO NUCLEÓTIDO EN EL PROMOTOR DEL GEN WDTC1 EN RELACIÓN A CARACTERES DE CRECIMIENTO Y CANAL EN PORCINOS

Fassa V.B.<sup>1</sup>, G.B. Pinto<sup>1</sup>, M.M. Motter<sup>1</sup>, L.A. Soria<sup>1</sup>, A. Schor<sup>2</sup>, M.R. Lloveras<sup>3</sup>, G. Marrube<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, CABA; <sup>2</sup>Cátedra de Bovinos de Carne, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, CABA; <sup>3</sup>I.N.T.A. E.E.A. Pergamino, Pergamino, Buenos Aires.  
E-mail: gmarrube@fvvet.uba.ar

El gen WDTC1 (*WD and tetratricopeptide repeats 1*) tiene una función anti adipogénica inhibiendo la actividad transcripcional de PPAR $\gamma$ , convirtiéndolo en un gen candidato para explicar la variación fenotípica en caracteres de importancia económica para la mejora genética porcina. El objetivo de este trabajo fue identificar y evaluar el efecto de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) localizados en la región 5'UTR de WDTC1 sobre 8 caracteres fenotípicos (crecimiento y de la canal) en 48 cerdos de raza Landrace. Para la identificación de SNPs, se amplificaron, secuenciaron y analizaron por alineamiento múltiple 808 pb de dicho gen (84.466.928-84.467.736 de la secuencia NC010448.4 del *GenBank*). El análisis estadístico se realizó mediante el modelo lineal general que incluyó sexo y genotipo para el SNP. Los polimorfismos hallados fueron: SNP1 (T/C, pos. 84.466.982), SNP2 (C/T, pos. 84.467.066), SNP3 (T/C pos. 84.467.131), SNP4 (C/T, pos. 84.467.201), SNP5 (G/T, pos. 84.467.368), SNP6 (C/A, pos. 84.467.402) y SNP7 (G/A, pos. 84.467.413). Las diferencias fueron significativas entre genotipos del SNP 5 (p-valor <0,05) para velocidad de crecimiento. Para los caracteres de la canal medidos por sonda Hennessy Grade Probe, se hallaron asociados los SNP1 y 5 con profundidad de músculo, el SNP7 con espesor de grasa subcutánea dorsal y finalmente todos, excepto el 5 con contenido de tejido magro. Estos resultados indican que la región 5'UTR de WDTC1 es polimórfica y los SNPs hallados estarían asociados con la expresión fenotípica de los caracteres analizados.

## GMA 12

## DIFERENCIAS CONDUCTUALES EN DOS RAZAS DE CERDAS EN LACTANCIA

Arroyo P.<sup>1</sup>, S.A. Nietto<sup>1</sup>, H.R. Ferrari<sup>2</sup>, A.G. Antonini<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEVET-CONICET-FCV-UNLP; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP.  
E-mail: mv.arroyo.paula@gmail.com

El objetivo del presente trabajo fue evaluar las diferencias conductuales en hembras lactantes en sistema intensivo confinado en una granja de la zona norte de la provincia de Buenos Aires. Con este fin se realizó un etograma de 43 pautas de comportamiento, estas fueron categorizadas en tres grandes grupos: dirigidas a los lechones, dirigidas al hábitat y generales. Se evaluaron 28 hembras, 11 Landrace (L) y 17 Yorkshire (Y) durante los 28 días de lactancia. Con 3 sesiones de observaciones diarias de 20 minutos cada una, durante 5 días a la semana. Los resultados obtenidos mostraron diferencias significativas (p<0,05) en pautas dirigidas al lechón: olfatear lechón, empujar lechón y morder lechón; dirigidas al hábitat: hociquear suelo y hociquear jaula; y generales: masticar, y vulva contra jaula. Con excepción de esta última, cuya mayor frecuencia correspondió a las hembras Y, el resto de las pautas mencionadas mostró una frecuencia significativamente mayor en las hembras L. Si bien ambas razas, de aptitud mixta, son utilizadas como madres de líneas maternas, los resultados obtenidos muestran actividad diferencial. Una interpretación posible es el mecanismo por el cual intentan reducir el estrés (“coping activo” vs. “coping pasivo”). Esto pone en evidencia diferentes maneras de manejar el estrés y por ende, diferente manera de acoplar con el ambiente, lo que vuelve el factor “raza” de suma importancia a la hora de estudiar y mejorar el bienestar animal en la producción.

GMA 13

## ASOCIACIÓN DE LOS GENES DLA DE CLASE II CON EL DESARROLLO DE LA QUERATITIS SUPERFICIAL CRÓNICA EN PERROS DE LA RAZA OVEJERO ALEMÁN DE BUENOS AIRES

Barrientos L.S.<sup>1</sup>, L.H. Olivera<sup>1</sup>, J.A. Crespi<sup>1</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>.<sup>1</sup>IGEVET (UNLP-CONICET).

E-mail: lbarrientos@fcv.unlp.edu.ar

La Queratitis Superficial Crónica (QSC) canina es una enfermedad inflamatoria progresiva no ulcerativa del estroma corneal superficial. La QSC se presenta con mayor frecuencia en el perro Ovejero Alemán (OA). Estudios clínicos, histopatológicos y farmacológicos, sugieren que la QSC es una enfermedad inmunomediada. El objetivo del presente trabajo consistió en asociar los polimorfismos de las regiones presentadoras de antígenos de los genes DLA de clase II con la mayor predisposición a desarrollar QSC en un modelo caso/control. Los polimorfismos presentes en las regiones presentadoras de antígenos (exón 2) de los genes DLA de clase II DLA-DRB1, DLA-DQA1 y DLA-DQB1 se tipificaron por la técnica de secuenciación directa (SBT) en una muestra de 73 perros OA (43 enfermos y 30 sanos). Debido al alto grado de polimorfismo presente en el exón 2, es difícil la asignación de las fases de ligamiento y la determinación de los genotipos de los individuos heterocigotas. Es por esta razón que se desarrolló un software basado en lenguaje R y Python para asignar los alelos a cada individuo. Los análisis estadísticos pusieron de manifiesto una asociación significativa entre el haplotipo DRB1\*00101/DQA1\*00101/DQB1\*00201 con un menor riesgo a desarrollar QSC ( $p=0,02$ ; OR= 0,2, 95%; IC= 0,07- 0,81). Este trabajo confirma el rol de MHC de clase II en el desarrollo de la QSC y proporciona nuevos datos sobre la población local de OA. Potencialmente, estos marcadores podrían ser utilizados para dirigir los cruzamientos en los criaderos y disminuir la incidencia de la QSC en la población.



COMUNICACIONES LIBRES



# GENÉTICA MÉDICA





## GME 1

**POTENCIAL NEUROPROTECCIÓN DE CÉLULAS STEM/PROGENITORAS EN UN MODELO DE FOTODEGENERACIÓN DE LA RETINA EN RATAS**

Bareiro N.M.<sup>1</sup>, M. Soliño<sup>1</sup>, E.M. López<sup>1</sup>, D. Contartese<sup>1</sup>, M. Rey Funes<sup>1</sup>, C.F. Loidl<sup>1</sup>, J.J. López Costa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Celular y Neurociencia "Prof. E. De Robertis" (IBCN), UBA-CONICET, Facultad de Medicina (UBA).  
E-mail: maia\_bareiro@hotmail.com

Entre las enfermedades degenerativas de la retina se encuentra la Degeneración Macular asociada a la Edad (AMD). En nuestro laboratorio empleamos un modelo experimental de degeneración retiniana sometiendo ratas a iluminación continua. Este modelo remeda lo que ocurre en el ser humano, y permite estudiar nuevas estrategias terapéuticas en el tratamiento de la AMD. El uso de células madre/ Progenitoras (SC) se ha convertido en un potencial tratamiento de las enfermedades degenerativas. El objetivo del presente trabajo fue aislar y reproducir las SC de la retina en neuroesferas (NS) para inyectarlas por vía intravítrea a los ojos fotodegenerados, y estudiar el posible efecto terapéutico de las SC. Las SC de la retina se aislaron de la Zona marginal ciliar (ZMC) de retinas de ratas neonatales. Las células fueron disociadas mecánicamente y se cultivaron en un medio de promoción de NS. Simultáneamente, se sometieron ratas Sprague Dawley adultas a iluminación continua (12000 lux) durante 1,5 y 7 días. Luego fueron inyectadas por vía intravítrea en un ojo con 5ul de SC ( $5 \times 10^3$  células) y en los contralaterales con vehículo como control. Una semana después los ojos se procesaron por inmunocitoquímica usando un anticuerpo primario anti-GFAP. Los resultados demuestran que las retinas tratadas con células SC presentan una tendencia a la disminución de la inmunorreactividad de GFAP. Postulamos que las SC podrían moderar la lesión de la retina, a través de la secreción de factores tróficos con propiedades antiinflamatorias beneficiosas disminuyendo la expresión de GFAP.

## GME 2

**EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES TH, DNTBP1 Y DRD2 EN PACIENTES ESQUIZOFRÉNICOS**

Vargas-Luna S.<sup>1</sup>, J.M. García-Cárdenas<sup>2</sup>, F. Porras<sup>1</sup>, C. Paz-y-Miño<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador; <sup>2</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad Tecnológica Equinoccial, Quito, Ecuador.  
E-mail: aslvargas@udlanet.ec

La esquizofrenia es un trastorno mental grave que afecta al 1% de la población mundial y el desarrollo de la enfermedad está relacionado tanto a factores genéticos como ambientales. A través de varios estudios de ligamiento y asociación se han determinado múltiples genes que generan susceptibilidad al padecimiento de la esquizofrenia, como DRD2, TH y DNTBP1, implicados en el desarrollo de alteraciones en las vías de neurotransmisión, principalmente de la dopamina. Estos genes codifican para las proteínas como el receptor D2, tirosina hidroxilasa y disbindina-1 respectivamente. La presencia de polimorfismos cambia los niveles de expresión alterando la migración, señalización y diferenciación neuronal. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la presencia de los polimorfismos S311, Pro3129Pro, Taq1-B, CT, V81M, P1320, P1325 y P1763 en pacientes esquizofrénicos del Hospital Psiquiátrico Sagrado Corazón de Quito, Ecuador. Los análisis estadísticos demostraron que no existe asociación entre los polimorfismos estudiados y el desarrollo de la enfermedad. Sin embargo, a través de esta investigación se reportó la presencia de 4 polimorfismos, dos correspondían a rs6277 y rs1079597, y dos que no estaban reportados en la base de datos NCBI-SNP ubicados en la posición 113.425.553 y 2.165.110. Mediante la prueba chi cuadrado se evidenció que únicamente el polimorfismo en la posición 2.165.110 tiene asociación significativa en la enfermedad ( $p \leq 0,001$ ). Este estudio genético es pionero en Ecuador y proporciona las bases para futuras investigaciones sobre el desarrollo de esquizofrenia.

## GME 3

**DESCRIPCIÓN DE CNVs PATOGENICAS EN 100 PACIENTES CON DISCAPACIDAD INTELLECTUAL Y/O ANOMALÍAS CONGÉNITAS MEDIANTE LA TÉCNICA DE MICROARRAY CROMOSÓMICO**

Cantarella F.<sup>1</sup>, L. Espeche<sup>1</sup>, G. Moya<sup>1,2</sup>, M. Capelli<sup>1</sup>, N. Loreti<sup>1</sup>, M. Samara<sup>1</sup>, V. Ferreiro<sup>1</sup> V. <sup>1</sup>GENOS; <sup>2</sup>Universidad Católica Argentina.  
E-mail: mflorenciacantarella@gmail.com

La técnica de Microarray cromosómico (CMA) es un test molecular, por técnica de hibridación genómica comparativa, que detecta pérdidas y ganancias de regiones clínicamente significativas del genoma humano. El objetivo de este trabajo es describir las alteraciones en el número de copias (CNVs) clasificadas como patogénicas, detectadas con la técnica de CMA, en 100 pacientes con discapacidad intelectual (DI) y/o anomalías congénitas. Para la detección de CNVs, se utilizó el test del Kleberg Cytogenetics Laboratory del Baylor College of Medicine, utilizando los *slides* v8.1.1.4x180K y v8.3.2x400K+SNPs manufacturados por Agilent Technologies y comercializados por Analytical Technologies. Se diagnosticaron 100 pacientes con CNVs patogénicas. 46 presentaron variantes asociadas a síndromes de microdelección o microduplicación conocidos como el Síndrome de Di George, Smith Magenis y Kleeftstra, entre otros. 33 pacientes presentaron variantes claramente patogénicas, aunque no asociadas a ningún síndrome conocido hasta el momento. 18 pacientes portaban 2 alteraciones, probablemente constituyendo en 11 de ellos derivados cromosómicos consecuencia de translocaciones balanceadas en sus padres y en 7 rearreglos complejos dentro del mismo cromosoma. En 3 pacientes las CNVs detectadas fueron útiles para identificar y caracterizar cromosomas marcadores. El estudio de CMA permitió establecer el diagnóstico y caracterizar la alteración molecular causante del fenotipo en 100 pacientes con DI y/o anomalías congénitas, lográndose el correcto asesoramiento genético de las familias implicadas.

## GME 4

**RELACIÓN ENTRE VELOCIDAD DEL DESARROLLO, MORFOLOGÍA Y EUPLOIDIA EN BLASTOCISTOS HUMANOS**

Rivadeneira A.<sup>1</sup>, J. Maidana<sup>1</sup>, M. Pascual<sup>1</sup>, M.F. Veiga<sup>1</sup>, M.L. Magri<sup>1</sup>, C. Torres<sup>1</sup>, S. Giordana<sup>1</sup>, F. Neuspiller<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IVI Buenos Aires, Av. del Libertador 5962, CABA, Argentina.  
E-mail: fernando.neuspiller@ivi.es

La selección embrionaria se basa principalmente en un análisis morfológico de los embriones previo a su transferencia. Antecedentes previos muestran mayores tasas de implantación cuando se transfieren embriones de día 5 (D5), dado que poseen mayor probabilidad de ser euploides comparados con los de día 6 (D6). Nuestro objetivo fue evaluar euploidia en blastocistos de D5 *vs.* D6 y relacionar su morfología en embriones euploides y aneuploides. Se realizó un análisis retrospectivo en pacientes que realizaron *Screening* Genético Preimplantatorio (PGS) en IVI Buenos Aires desde el 24 de Julio de 2015 hasta el 26 de Enero de 2017. Se incluyeron 107 blastocistos de 33 pacientes donde analizamos euploidia en D5/D6. Los blastocistos fueron clasificados morfológicamente según criterio ASEBIR y analizados en relación a la euploidia. Se observó euploidia en un 63,5% de los embriones en D5 *vs.* 38,6% en D6 ( $p < 0,05$  test de Fisher). El análisis morfológico mostró que el 61,4% de los embriones euploides fueron de buena calidad (clase A y B) y el 38,6% de calidad regular (clase C). En cambio, para los embriones aneuploides fue del 42% *vs.* el 58% respectivamente. Podemos concluir que la blastulación temprana (D5) se correlaciona con una mayor probabilidad de embriones euploides, mientras que la morfología no se correlaciona con la euploidia.

## GME 5

### CORRELACIÓN FENOTÍPICA/MOSAICO GERMINAL Y SOMÁTICO EN UNA FAMILIA AFECTADA POR HEMOFILIA A SEVERA-LEVE: IMPLICANCIAS CLÍNICAS Y DIAGNÓSTICAS

Marchione V.D.<sup>1</sup>, M.M. Abelleyro<sup>1</sup>, C.P. Radic<sup>1</sup>, L.C. Rossetti<sup>1</sup>, D. Neme<sup>2</sup>, L. Elhelou<sup>2</sup>, C.D. De Brasi<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular de la Hemofilia, IMEX, CONICET-Academia Nacional de Medicina, Argentina; <sup>2</sup>Fundación de la Hemofilia Alfredo Pavlovsky; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Hematológicas Mariano R Castex, Academia Nacional de Medicina.  
E-mail: cdebrasi75@gmail.com

La Hemofilia A (HA) es una coagulopatía ligada al X recesiva prevalente (1:5000) causada por defectos en el F8 que se expresa en varones hemicigotas y muy raramente en mujeres heterocigotas. El mosaicismo genético puede ocurrir temprano en el desarrollo, puede ser somático modulando la severidad del fenotipo y/o germinal cambiando el patrón de herencia. Se reporta una familia con HA (probando severo P, madre M, tía materna MS y abuelo materno leve MF) donde la complejidad descripta define las singulares características fenotípicas del caso MF. P, niño con FVIII:C<1%, mostró una delección de 2067 bp (Del2kb) afectando regiones del F8 exón 1 y su vecindad 5" cuyas secuencias fueron caracterizadas. Su madre, M, resultó portadora (alelos Normal y Del2kb) y su tía MS, no portadora. Interesantemente, MF, con FVIII:C= 35%, mostró ambos alelos Normal y Del2kb en sangre periférica (SP) indicando su condición de mosaico somático y también mosaico germinal pues su hija M heredó Del2kb y MS, el Normal. Para estimar el nivel de mosaico en MF se realizó una curva estándar artificial por qPCR (*real time-PCR*) midiendo la relación del alelo blanco Normal, Del2kb *vs.* una referencia CTLA4. MF mostró porcentajes de mosaico en células de la orina del 66%, esputo 69% y SP 46%, sustentando un nivel de mosaico similar en el hígado que condiciona su fenotipo leve. En conclusión, para evitar cometer errores en la predicción clínica, el asesoramiento de familias con casos de hemofilia leve debe estar basado en información genética completa y consistente como producto de un análisis molecular exhaustivo.

## GME 6

### EXPANSIÓN FENOTÍPICA DE SCN2A: UTILIDAD DIAGNÓSTICA DE LA SECUENCIACIÓN GENÓMICA

Medina N.M.<sup>1</sup>, J. Perez Maturo<sup>1,3</sup>, S.A. Rodriguez Quiroga<sup>1</sup>, I.M. Denzler<sup>2</sup>, D. Gonzalez Moron<sup>1</sup>, M.A. Kauffman<sup>1,3</sup>, P.A. Vega<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Consultorio y Laboratorio de Neurogenética, División Neurología, Hospital General de Agudos J.M. Ramos Mejía, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Servicio de Neurología Infantil Hospital Italiano, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Programa de Medicina de Precisión y Genómica Clínica IIMT-FCB-Universidad Austral-CONICET, Pilar, Argentina.  
E-mail: genesisnanz2020@gmail.com

El gen SCN2A codifica para el canal de sodio Na<sub>v</sub>1.2, carece de *hotspots* y presenta variantes patogénicas que se manifiestan con un amplio espectro fenotípico: convulsiones neonatales-infantiles familiares benignas, encefalopatías epilépticas, epilepsia severa no sindrómica, retraso mental y autismo sin epilepsia y ataxia episódica (AE). Describimos una familia: Varón de 6 años con convulsiones neonatales e infantiles, retraso del neurodesarrollo e inicio de AE a los 4 años. Su padre presentó convulsiones neonatales y posteriormente episodios de AE, y una hermana menor con convulsiones neonatales e infantiles y AE desde los 2 años. La madre y dos hermanos son asintomáticos. Con el objetivo de arribar al diagnóstico molecular se realizó en el probando secuenciación completa del genoma en la plataforma Illumina con una cobertura promedio de 50X. Se detectó una variante patogénica en He en el exón 7 de SCN2A, c.788C>T (p.A263V), previamente reportada por otros autores. Esta variante ubicada en un residuo altamente conservado de Na<sub>v</sub>1.2 origina una ganancia de función con hiperexcitabilidad neuronal, lo que plantea un potencial uso de fármacos orientados al defecto molecular en AE por SCN2A. Resta el análisis de segregación de la variante en esta familia. Las tcas de secuenciación masiva actualmente permiten incrementar la probabilidad de identificar defectos moleculares en trastornos clínica y genéticamente heterogéneos, tal es el caso del grupo de AE, dando fin a la odisea diagnóstica y en ocasiones logrando incorporar eventuales opciones terapéuticas.

## GME 7

**TESTS GENÉTICOS: ESTADO ACTUAL Y SU APLICACIÓN EN LA ARGENTINA**

Gonzalez A.<sup>1</sup>, L. Ogas Castells<sup>1</sup>, G. Melito<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Maimónides, Facultad de Cs. de la Salud, carreras de Farmacia y Bioquímica.  
E-mail: congresos.fyb@maimonides.edu

**Objetivos:** Puntualizar sobre la importancia de los tests genéticos como también de su prevalencia en la clínica médica diaria. **Método:** Se relevó información de laboratorios bioquímicos de diagnóstico de todo el país en temas relacionados a tests genéticos o que involucren material genético. Se clasificaron los ensayos en 9 categorías: asesoría, diagnóstico de infecciosas, diagnóstico prenatal, análisis de paternidad, cáncer y enfermedades hereditarias, citogenética, forense, farmacogenética y nutrigenética. **Resultados:** Se analizó la información de 24 centros de genética de todo el país, la mayoría ubicada en el área metropolitana de Buenos Aires y perteneciente a servicios privados. Se observó que la mayoría de los mismos centran sus estudios en la citogenética 25%, análisis prenatales 10% y de paternidad 22%. Sólo una minoría ofrece servicios como los de Farmacogenética, Nutrigenética y Forense. Cabe destacar que de los 24 centros, 13 ofrecen consultas genéticas personalizadas. **Conclusiones:** Se observó una gran variedad de tests que ofrecen los centros como también una gran cantidad de información adicional sobre los mismos. El hecho de que la mayoría promueva las asesorías genéticas personalizadas hace que estos estudios se vuelvan cada vez más cercanos a los pacientes.

## GME 8

**RECURRENCIA FAMILIAR DE LABIO LEPORINO/PALADAR HENDIDO Y ASIMETRÍA BILATERAL EN DERMATOGLIFOS COMO INDICADOR DE INESTABILIDAD DEL DESARROLLO**

Ratowiecki J.<sup>1</sup>, J.S. Lopez Camelo<sup>1,2,3</sup>, F.M. Carvalho<sup>3,4,5</sup>, I.M. Orioli<sup>3,5</sup>, E.E. Castilla<sup>1,2,3,4</sup>, F.A. Poletta<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>ECLAMC (Estudio Colaborativo Latino Americano de Malformaciones Congénitas), CEMIC-CONICET, Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas; <sup>2</sup>CONICET; <sup>3</sup>INAGEMP (Instituto Nacional de Genética Médica Populacional), Brasil; <sup>4</sup>ECLAMC en Laboratório de Epidemiologia de Malformações Congênitas, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil; <sup>5</sup>ECLAMC en Laboratório de Malformações Congênitas, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil.  
E-mail: juli.rtw@gmail.com

Labio leporino con o sin paladar hendido (LL/P) es una anomalía congénita de etiología compleja y heterogénea. Existen pocos estudios en la literatura sobre el grado de asimetría como indicador de inestabilidad del desarrollo y el riesgo familiar de LL/P; y ningún estudio en poblaciones de Sudamérica. Por lo que el objetivo de este trabajo fue comparar el nivel de asimetría bilateral en el patrón de dermatoglifos en casos no sindrómicos de LL/P con distinto grado de recurrencia familiar y en controles no relacionados de una región de alta frecuencia de LL/P identificada en la Patagonia. Se contó con datos de 168 individuos (84 controles y 84 casos no sindrómicos de LL/P) y se evaluó el Índice de Disimilitud en el Patrón de Figuras como un indicador de asimetría bilateral. Se calculó el *family history score* (FHS) como medida del grado de recurrencia familiar, definiéndose tres grupos: 1) controles sin historia familiar; 2) casos con bajo FHS; y 3) casos con alto FHS. La diferencia de asimetría entre grupos fue analizada mediante un ANOVA de dos factores, incluyendo grupo FHS, sexo e interacción. Se observaron diferencias significativas entre los grupos de FHS ( $p=0,028$ ), con mayor asimetría en casos con alto FHS. Esto sugiere que una mayor carga genética podría influir en la inestabilidad embrionaria de casos de LL/P. Este subfenotipo clínico podría ser útil para identificar grupos más homogéneos de casos donde la inestabilidad durante el desarrollo juegue un rol en la etiopatogénesis y se puedan realizar estudios genómicos para identificar nuevos genes candidatos para LL/P.

## GME 9

**ENFOQUE DIAGNÓSTICO EN  
DIAGNÓSTICO PRENATAL DE *HYDROPS*  
FETAL RECURRENTE**

Costa M.<sup>1</sup>, S. Avila<sup>1</sup>, E. Barbaro<sup>1</sup>, P. Almazan<sup>1</sup>, I. Navarro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Servicio de Genética, Hospital Provincial Neuquén "Dr. E. Castro Rendón". E-mail: mailencosta89@gmail.com

Las pacientes con abortos recurrentes con *hydrops* fetal plantean un desafío a la hora de realizar el diagnóstico y asesoramiento genético. Se plantean como diagnóstico diferenciales causas hematológicas, infecciosas, cromosómicas y monogénicas. La hemocromatosis congénita, entendida como enfermedad de origen aloimmune, debe ser planteada como diagnóstico diferencial. Las anomalías fetales repetidas sugieren origen genético pero deben considerarse otras causas para plantear el plan de estudios, informar sobre riesgo de recurrencia y la posibilidad de ofrecer una alternativa terapéutica. CASO CLÍNICO VC, de 29 años, cursa la séptima gesta de su pareja no consanguínea de 33 años. Su primera gesta culmina con el nacimiento de una niña sana que actualmente tiene 12 años. Las cinco gestas posteriores culminaron en óbito entre las 16 y 26 semanas; en 3 de ellas se constata la presencia de *hydrops* fetal. Se descarta trombofilia e infecciones congénitas. Los cariotipos parentales no muestran patología. A las 17 semanas la ecografía muestra intestino hiperecogénico y a las 21 semanas *hydrops* fetal. La RMN fetal evidencia lesiones en hígado y páncreas compatibles con hemocromatosis. La necropsia confirma el diagnóstico de hemocromatosis. Se remarca la importancia del diagnóstico precoz de este tipo de patologías fetales recurrentes para realizar un adecuado asesoramiento y tratamiento oportuno.

## GME 10

**FENOTIPO DE PACIENTE CON  
MOSAICISMO CROMOSÓMICO  
47,XXY[74]/46,XX[26]**

De Carli C.<sup>1,2</sup>, M. Costa<sup>1</sup>, E. Barbaro<sup>1</sup>, P. Almazán<sup>1</sup>, I. Navarro<sup>1</sup>, G. Bastida<sup>1</sup>, S.A. Avila<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Hospital Provincial Neuquén; <sup>2</sup>Facultad de Medicina, UNComahue. E-mail: silvia347@gmail.com

El mosaicismo 47,XXY/46,XX es una alteración citogenética asociada a fenotipos como síndrome de Klinefelter, hermafroditismo verdadero o femenino normal. Se postula que puede ser resultante de quimerismo, pérdida de cromosoma Y en algunas células, fusión temprana de embriones gemelos, doble fertilización y fusión del embrión con un cuerpo polar fertilizado. El fenotipo resultante puede resultar de la distribución de los dos linajes en los diferentes tejidos del embrión en desarrollo. Se postula en la bibliografía que el fenotipo depende del porcentaje del cromosoma Y presente en el tejido gonadal: el efecto estaría basado en la presencia del SRY por encima de un umbral crítico. Si la mayor parte de las células gonadales contiene un cromosoma Y, el fenotipo gonadal será masculino y no dependerá del porcentaje de células con cromosoma Y presente en células de la sangre. Presentamos el caso de ZM que se deriva a la consulta genética por presentar leve hipertrofia de clítoris sin fusión de labios menores. Los estudios ecográficos muestran la presencia de ovario, útero y trompas en coincidencia con lo que *a posteriori* se describe en la video-laparoscopia. El cariograma encontrado en sangre periférica es 47,XXY[74]/46,XX[26]. La biopsia gonadal describe ovario infantil con características normales. El FISH para cromosoma X e Y sobre tejido gonadal muestra la presencia mayoritaria de células con complemento XXY. Este hallazgo inesperado contradice las hipótesis formuladas en la bibliografía para explicar los fenotipos encontrados en los pacientes con este genotipo infrecuente.

## GME 11

## REPORTE DE CASO: CÁNCER DE MAMA HEREDITARIO Y GRANDES REARREGLOS EN PACIENTE DE ORIGEN ASHKENAZI-SEFARADI

Mampel A.<sup>1</sup>, F. Cardoso<sup>2</sup>, A.L. Vargas<sup>1</sup>, F. Gago<sup>3</sup>, Solano<sup>2,4</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Médicas, Hospital Universitario,

UNCuyo; <sup>2</sup>Genotipificación y Cáncer Hereditario, DAC, Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas "Norberto

Quino" (CEMIC), Buenos Aires; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Médicas,

UNCuyo; <sup>4</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas (INBIOMED),

Departamento de Bioquímica Humana, Facultad de Medicina, UBA-CONICET.

E-mail: analiav7@gmail.com

El cáncer de mama hereditario (CMH) representa un 5–10% de los casos de CM y está principalmente asociado a mutaciones en los genes BRCA1 y BRCA2. Los pacientes de origen judío ashkenazi tienen mayor prevalencia de mutaciones en estos genes: 90–95% corresponden a las mutaciones fundadoras (185delAG, 5382insC, 6174delT), 2–4% son mutaciones detectadas por secuenciación completa (diferentes a las fundadoras). Hasta la fecha no hay reportes de grandes rearrreglos en pacientes de este origen. En nuestra experiencia, la frecuencia de mutaciones por grandes rearrreglos oscila en un 0,45% (9/2000). Se presenta el caso de una paciente con cáncer de mama, de origen ashkenazi-sefaradí portadora de una delección patogénica en BRCA1. Caso: paciente de 37 años con cáncer de mama ductal infiltrante y receptores hormonales negativos. Su madre, de origen sefaradí, presentó cáncer de ovario a los 60 años. A partir de una muestra de ADN genómico se estudiaron los genes BRCA1/2 mediante secuenciación completa (NGS) y MLPA para el estudio de grandes rearrreglos. Por secuenciación no se detectó la presencia de mutación patogénica y por MLPA (probemix P002MRC Holland®) se detectó la delección heterocigota que incluye los exones 23 y 24 del gen BRCA1 (c.5407-?\_(\*1\_?)del). Esta mutación está reportada en las bases de referencia como patogénica. Se considera de importancia el hallazgo de un rearrreglo en pacientes de esta etnia en nuestro país y se resalta la necesidad del estudio de estos genes en forma completa para establecer medidas de prevención, reducción de riesgo y asesoramiento familiar.

## GME 12

## MUTACIONES EN EL GEN PURA COMO CAUSA DE HIPOTONÍA SEVERA

Mampel A.<sup>1</sup>, M.B. Gamboni<sup>2</sup>, L. Mayorga<sup>3</sup>, J. Adi<sup>2</sup>, A.L. Vargas.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Médicas, Hospital Universitario, UNCuyo;

<sup>2</sup>Instituto Privado Neuroinfant; <sup>3</sup>Instituto de Histología y

Embriología de Mendoza IHEM-CONICET-UNCuyo.

E-mail: mampelalejandra@gmail.com

El gen PURA se localiza en 5q31.2 y codifica una proteína multifuncional que se expresa en cerebro, músculo y corazón e interviene en procesos de proliferación y maduración neuronal. El objetivo de este trabajo es presentar dos pacientes con hipotonía congénita severa, como signo cardinal, causada por alteraciones del gen PURA. El paciente A es un varón, producto de un tratamiento de fertilidad (FIV), que consultó por hipotonía severa, trastornos de la succión, dificultad respiratoria, retraso madurativo y dismorfias faciales. El estudio de Microarray, mediante hibridación genómica comparativa (CGH) identificó una delección de 1.3 Mb en la región 5q31.2–31.3, que incluye al gen PURA. El paciente B, de sexo femenino presentó hipotonía severa, retraso de la succión, hiporeactividad, convulsiones, miocardiopatía hipertrófica y dismorfias faciales semejantes al paciente A. La niña presentó crisis de apneas y mayor compromiso clínico que el primer paciente. La secuenciación del exoma completo identificó una variante patogénica heterocigota en el c.586delA(p1196fs) del gen PURA. Se hace notar la similitud fenotípica de ambos pacientes con alteraciones moleculares diferentes del mismo gen. La evaluación de los casos presentados lleva a considerar el estudio del gen PURA como parte del estudio del lactante hipotónico, en aquellos pacientes con hipotonía severa, retraso madurativo, convulsiones y dismorfias faciales. Esto facilitará realizar diagnósticos de certeza, evaluar el riesgo de recurrencia en futuros descendientes, y establecer la conducta clínica adecuada.

## GME 13

**CÁNCER MEDULAR DE TIROIDES. DIAGNÓSTICO PRENATAL Y DETECCIÓN DE PORTADORES ASINTOMÁTICOS**

VISICH A.A.<sup>1</sup>, J.E. DIPIERRI<sup>2</sup>, M.A. ECHALAR<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética; <sup>2</sup>Genética Clínica; <sup>3</sup>Fundación Biogen, Av. San Martín 224, Salta, Argentina.  
E-mail: alevsich@yahoo.com.ar

El carcinoma medular de tiroides (CMT) representa el 10% de cánceres tiroideos y es hereditario en el 25% de los casos. Se presenta como única manifestación en varios miembros de una familia (CMTF), como neoplasia endócrina múltiple (MEN) tipo 2A (con feocromocitoma e hipoparatiroidismo) o MEN 2B (con feocromocitoma, neuromatosis gastrointestinal y hábito marfanoide). Es autosómico dominante, de expresión completa y expresividad variable. Identificar mutaciones en el protooncogen Ret confirma CMT y permite el correcto asesoramiento familiar. El objetivo del trabajo es presentar una familia donde se detectaron 3 pacientes portadores de la mutación C634Y (2 asintomáticos), gracias al asesoramiento genético oportuno y previo a realizarse el citogenético prenatal indicado por sospecha de anomalías cromosómicas en el bebé. Caso Índice: Joven (19 años) con 14 semanas de gestación, derivada sólo para citogenético prenatal por TN aumentada. En consulta genética previa a la punción, surge el antecedente de que su madre fue operada por CMT. Se asesora sobre riesgos y realiza también estudio molecular prenatal. Metodología Citogenético: protocolo estándar. Molecular: exones 10 y 11 del protooncogen Ret (PCR-RFLP y secuenciación); Resultados Citogenético prenatal: varón normal (46,XY). Moleculares: paciente, su madre y bebé positivos C634Y. El abordaje multidisciplinario fue esencial para detectar el antecedente de CMT e incluir los estudios moleculares junto al citogenético prenatal. Esto permitió diagnosticar y prevenir el CMT en la paciente y su bebé, evitando desenlaces fatales.

## GME 14

**TRIPLOIDÍA 69,XXX EN RELACIÓN A LA EXPOSICIÓN PATERNA AL FINASTERIDE**

Visich A.A.<sup>1</sup>, N.M. Osores<sup>1</sup>, J.E. Dipierri<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética; <sup>2</sup>Genética Clínica, Fundación Biogen, Av. San Martín 224, Salta, Argentina.  
E-mail: alevsich@yahoo.com.ar

La triploidía (anomalía cromosómica letal) aparece en el 0,1% de las gestaciones detectables. Se puede originar por retención de un 1er o 2do cuerpo polar, fertilización dispérmica o de un espermatozoide diploide. El asesoramiento genético en parejas con antecedentes de triploidías es fundamental para establecer riesgos reproductivos futuros. En esta oportunidad comunicamos un nuevo caso de triploidía asociado a la droga FINASTERIDE, para destacar su influencia como teratógeno masculino. Se realizó estudio citogenético prenatal (en LA a las 18 semanas de gestación) por datos ecográficos de RCIU, signo de doble burbuja (atresia duodenal), cardiomegalia y polihidramnios. Se observó un cariotipo fetal 69,XXX. Luego a las 29 semanas se perdió el embarazo. Se trataba de la única hija de una pareja sana, no consanguínea. EMA 34 años, EPA 34 años. Con otra pareja el hombre tiene dos hijas sanas. No se registraron antecedentes relevantes excepto la toma regular de FINASTERIDE por parte del padre. Esta droga está aprobada para tratar hipertrofia prostática y alopecia androgénica. En la bibliografía es relacionada con aumento de aneuploidías espermáticas por lo que consideramos que podría ser el causante de esta triploidía. Además esta droga no se usa en mujeres porque causa defectos del nacimiento. Aunque no podemos asegurar con absoluta certeza que la FINASTERIDE es responsable de esta triploidía, consideramos muy importante tenerla en cuenta como agente teratógeno y valorar la continuidad de este tratamiento en el padre en la planificación de un próximo embarazo en esta pareja.

## GME 15

## ENFERMEDAD VASCULAR EN PACIENTE CON SÍNDROME DE TURNER Y TALLA ALTA

Ramirez J.M.<sup>1</sup>, M.I. Echeverría<sup>1</sup>, A.L. Vargas<sup>1</sup>, F.A. Rodríguez<sup>4</sup>, A. Calderón<sup>1</sup>, M. Repetto<sup>2</sup>, R. Miatello<sup>3</sup>, N.F. Renna<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, Facultad de Ciencias Médicas, UNCuyo; <sup>2</sup>Área de Fisiología Patológica, IMBECU-CONICET; <sup>3</sup>Departamento de Cardiología, Hospital Español de Mendoza; <sup>4</sup>Facultad de Medicina, Universidad de Chile.  
E-mail: jesticamagali@hotmail.com

La morbi-mortalidad por patología cardiovascular en pacientes con síndrome de Turner es tres veces más alta que el riesgo en la población general. La enfermedad vascular endotelial en este grupo sigue siendo estudiada y se propone varias etiologías y posibles genes candidatos. Se presenta el caso de una paciente con síndrome de Turner en donde se postuló como objetivos analizar la relación entre el cariotipo y el fenotipo cardiovascular mediante ecodoppler vascular y dosaje de enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) por técnica de ELISA. La probando tiene 28 años y presenta talla alta, amenorrea secundaria, hipotiroidismo primario, hiperinsulinismo e insulino-resistencia. Los exámenes complementarios demostraron hipoplasia uterina y ovarios pequeños, hipogonadismo hipergonadotrófico, perfil androgénico y GH normal. El estudio de cariotipo informó: 46,X,del(X),(q22-q27). El ecodoppler mostró una placa aterogénica de 1,6 mm en ACCD y 2 mm en ACCI. El estudio de reactividad en arteria braquial informó disfunción endotelial. Los valores de ACE2 en orina fueron inferiores al rango normal. El estudio por MLPA de la isoforma "a" del gen SHOX detectó una duplicación de la totalidad de la región PAR1 extendida hasta el gen FANCB ubicado en Xp22.2. Las deleciones en Xq cursan con alteraciones variadas en los ciclos menstruales y existen pocos casos en los cuales se asocian a rearrreglos en el brazo corto (Xp). La sobreexpresión del gen SHOX explicaría la talla alta. Los valores disminuidos de ACE2 en orina estarían asociados a enfermedad vascular y disfunción endotelial.

## GME 16

## PORFIRIA DUAL PAI-PCT: MUTACIÓN DE NOVO EN GEN DE LA PBGD EN PACIENTE CON PORFIRIA CUTÁNEA TARDÍA HEREDITARIA

Cerbino G.<sup>1</sup>, L.S. Varela<sup>1</sup>, M.N. Guolo<sup>1</sup>, A.M.C. Batlle<sup>1</sup>, V.E. Parera<sup>1</sup>, M.V. Rossetti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre Porfirinas y Porfirias, CIPYP-UBA, CONICET.  
E-mail: gabriela.cerbino@gmail.com

Las porfirias son un grupo heterogéneo de desórdenes metabólicos, hereditarios o adquiridos, que resultan de la deficiencia parcial de una de las enzimas de la biosíntesis del hemo. Existen 8 tipos de porfirias diferentes y su diagnóstico diferencial se realiza combinando datos clínicos, bioquímicos y en la actualidad moleculares. La Porfiria Aguda Intermitente (PAI) es causada por una deficiencia parcial de la porfobilinógeno deaminasa o PBG-D y la Porfiria Cutánea Tardía (PCT) resulta de la actividad deficiente de la uroporfirinógeno decarboxilasa (UROD). Se heredan en forma autosómica dominante con penetrancia incompleta. Las Porfirias Duales causadas por defectos en dos enzimas diferentes son muy raras, hay muy pocos casos reportados, y sólo uno confirmado molecularmente en un mismo individuo. Se estudió genéticamente una familia argentina cuyo padre fue diagnosticado bioquímicamente hace 10 años como PCT. Hace 2 años concurre uno de los hijos con un cuadro clínico y bioquímico compatible tanto con PCT como con PAI. Se analizaron los dos genes y encontramos que heredó la mutación familiar en el gen UROD (c.10\_12insA) y que es portador de la mutación IVS7+1\_+4 (Surin 2001) en el gen PBGD. Se realizó segregación de alelos, analizando snps conocidos, en los padres y hermanos confirmando que es una mutación de *nov*. Además se encontró un snp novel para nuestra población. Éste es el primer caso reportado en nuestro país de una mutación de *nov* y la primera vez que se confirma molecularmente una Porfira Dual en un mismo individuo.



COMUNICACIONES LIBRES



# GENÉTICA VEGETAL



GV 1

## BARRERAS REPRODUCTIVAS PRE- Y POSCIGÓTICAS EN LA REGENERACIÓN *EX SITU* DE UNA INTRODUCCIÓN DE LA PAPA SILVESTRE *Solanum chacoense* BITTER

Poulsen Hornum A.<sup>1,2</sup>, E.L. Camadro<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP); <sup>2</sup> Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

La mayoría de las papas silvestres son diploides y autoincompatibles (alógamas obligadas). En la naturaleza están aisladas por barreras reproductivas externas e internas. Las barreras internas pueden ser precigóticas (autoincompatibilidad=AI, e incompatibilidad cruzada=IC) o poscigóticas (aborto de embrión y/o endosperma). Estas barreras reducen el n° efectivo de plantas progenitoras en la reproducción sexual, con la posible pérdida de alelos de interés aplicado en la regeneración/multiplicación de introducciones de bancos de germoplasma. Para complementar datos de trabajos anteriores sobre regeneración de una introducción de *S. chacoense* Bitter ( $2n=2x=24$ ), se determinaron relaciones polen-pistilo y número de semillas/fruto en tres temporadas consecutivas ( $t_1$ ,  $t_2$  y  $t_3$ ). Se obtuvieron, respectivamente, 67, 46 y 38 combinaciones genotípicas controladas, que se clasificaron según relaciones polen-pistilo y n° de semillas/fruto (s/f) en: compatibles (C), los tubos polínicos (t.p.) llegan al 3/3 del estilo;  $\geq 50$  s/f; parcialmente compatibles (PC): los t.p. llegan al 3/3 del estilo;  $< 50 \geq 1$  s/f; e incompatibles (I): los t.p. se detienen en estigma, 1/3, 2/3 o 3/3 del estilo; 0 s/f. El porcentaje de combinaciones C y PC, respectivamente, fue muy bajo en  $t_1$  (13,5% y 0) y  $t_3$  (0 y 7,9%), y bajo en  $t_2$  (23,9% y 30,4%). En esta introducción con categoría específica actúan barreras reproductivas precigóticas (AI e IC) y poscigóticas las que, aunque incompletas, drásticamente reducen el n° efectivo de progenitores, lo que puede alterar las frecuencias alélicas.

GV 2

## COMPATIBILIDAD SEXUAL EN UNA POBLACIÓN DE PAPAS SILVESTRES DE TUCUMÁN, ARGENTINA

Leofanti G.A.<sup>1,2</sup>, E.L. Camadro<sup>1,2</sup>, L.E. Erazzú<sup>3</sup>. <sup>1</sup>CONICET; <sup>2</sup>UNMdP; <sup>3</sup>INTA Famaillá.

E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres (*Solanum* spp.,  $2n=2x-6x$ ;  $x=12$ ) tienen reproducción sexual y asexual, autoincompatibilidad gametofítica e incompatibilidad cruzada. Se desconoce la estructura genética de las poblaciones naturales y el modo preponderante de reproducción. Con fines de conservación *ex situ* y uso aplicado, se inició el estudio de una población espontánea en Amaicha, Tucumán. Se definieron 11 áreas de muestreo de 70 x 70 cm, separadas por 2-10 m, y se cosecharon 2-31 frutos/área. En un trabajo anterior informamos un n° variable de semillas/fruto (7-330), que se clasificaron como A= llenas, C= vacías y B= intermedias. Se propuso que las semillas A revelaban compatibilidad sexual, mientras que las B y C indicaban la acción de barreras reproductivas internas. Para verificarlo, a partir de dichas semillas se obtuvo una población (90 plantas) en invernáculo determinándose ploidía, viabilidad de polen, relaciones polen-estigma/estilo, y n°, tamaño y aspecto de semillas/fruto (s/f). Las plantas analizadas (83,3%) fueron  $2n=2x$ . Se obtuvieron 42 combinaciones genotípicas: 23 incompatibles en varios niveles de estigma/estilo, y el resto compatibles. En los cruzamientos compatibles (viabilidad del polen  $\geq 50\%$ ), se obtuvieron 17 frutos de 49 flores polinizadas (cinco con  $> 50$  s/f, de las cuales  $> 50\%$  fueron de tipo A). En esta población actúan barreras reproductivas precigóticas (polen-pistilo) y poscigóticas (en embrión y/o endosperma), que indican eventos de flujo génico por polen y/o propágulos sexuales y/o asexuales entre poblaciones simpátricas.

## GV 3

### VARIACIÓN FENOTÍPICA Y EPIGENÉTICA EN POLIPLOIDES SINTÉTICOS DE PAPA

Duarte P.F.<sup>1</sup>, C.F. Marfil<sup>1</sup>, R.W. Masuelli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. e-mail: pduarte@mendoza-conicet.gob.ar

La poliploidización ha tenido un rol importante en la evolución de las especies de papa (*Solanum*, sección *Petota*) y la manipulación de la ploidía es una herramienta ampliamente usada en el mejoramiento del cultivo. Se conocen dos tipos de poliploides: autopoliploides y alopoliploides. El objetivo del trabajo fue evaluar si la duplicación cromosómica genera cambios morfofisiológicos, genéticos y epigenéticos en autopoliploides y alopoliploides de papa. El modelo experimental implicó: (i) comparar un control diploide de *S. kurtzianum* ( $2n=2x=24$ ) con tres líneas autotetraploides ( $2n=4x=48$ ) derivadas de éste; (ii) comparar un híbrido interespecífico diploide (*S. tuberosum* x *S. kurtzianum*) con cuatro líneas alotetraploides derivadas; y (iii) comparar la magnitud de los cambios observados entre ambos modelos. Los resultados mostraron que la duplicación cromosómica indujo mayor vigor en las líneas poliploides respecto a los controles diploides, con un aumento en el peso total de tubérculos significativamente mayor en los autopoliploides respecto a los alopoliploides. La duplicación cromosómica no indujo cambios genéticos en ninguno de los modelos. Se encontraron cambios en los patrones de metilación del ADN respecto de los controles diploides de entre un 24,4-33,9 y un 33,7-40,6% del total de sitios analizados en las líneas autotetraploides y alotetraploides, respectivamente. Este último resultado podría indicar que en papa, la hibridación interespecífica ejerce una influencia adicional sobre la variabilidad epigenética que la esperada exclusivamente por la duplicación cromosómica.

## GV 4

### CONFIRMACIÓN DE LA POSICIÓN GENÓMICA DEL LOCUS QUE CONTROLA TIPO DE CARPELO EN FRUTOS DE TOMATE Y DETECCIÓN DE QTL DE MORFOLOGÍA RELACIONADOS

Vazquez D.V.<sup>1,2</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario; <sup>2</sup>Instituto de Investigación en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. e-mail: vazquez@iicar-conicet.gob.ar

Los caracteres de morfología del fruto son relevantes en tomate (*Solanum lycopersicum*). A través del método QTL-seq se encontró que la región basal del cromosoma 6 controlaría tipo de carpelo (fusionado vs. no fusionado). El objetivo del trabajo fue confirmar que la región basal del cromosoma 6 controla el carácter tipo de carpelo e identificar loci de caracteres cuantitativos (QTL) relacionados en la región. Se obtuvo la F<sub>1</sub> entre los cultivares Old Brooks y Voyage y por autofecundación la F<sub>2</sub> (n= 76). Se cosecharon ocho frutos por planta. Se analizaron los caracteres tipo de carpelo, número de lóculos (NL), perímetro, área, ancho y altura máximo (AM), área y espesor de pericarpio y grado de irregularidad (GI). Se diseñaron 11 marcadores de ADN para caracterizar los progenitores y la F<sub>2</sub>. Se analizó su segregación y asociación al carácter tipo de carpelo por la prueba <sup>2</sup> de bondad de ajuste e independencia respectivamente. Todos los marcadores se ajustaron a la segregación 1:2:1 (p>0,05), excepto dos. De los nueve, se hallaron dos marcadores ligados al carácter tipo de carpelo (p<0,01) en la posición 39,74 Mb y 42,89 Mb. Se detectaron QTL para los demás caracteres por ANOVA. Se encontraron cinco QTL para el carácter GI, siendo el más significativo el ubicado a 39,74 Mb (p<0,01 y R<sup>2</sup>= 0,23); uno para NL en la misma posición (p<0,05 y R<sup>2</sup>= 0,11) y uno para AM a 45,23 Mb (p<0,05 y R<sup>2</sup>= 0,10). Se concluye que en la F<sub>2</sub> analizada se pudo confirmar que la región basal del cromosoma 6 controla el tipo de carpelo y que también en esta región hay QTL relacionados a morfología del fruto.

GV 5

### INFERENCIA DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.) MEDIANTE UN ENFOQUE BAYESIANO

Delgado R.<sup>1</sup>, C. Pereyra<sup>1</sup>, M. Sosa<sup>1</sup>, G. Collavino<sup>1</sup>, J. Carreras<sup>2</sup>, M. Pocovi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Marcadores Moleculares, FCN-UNSa, Salta, Argentina; <sup>2</sup>Departamento Producción Vegetal, FCA-UNC, Córdoba, Argentina. e-mail: fcn13161@gmail.com

Estudios preliminares de clasificación y ordenamiento de accesiones de garbanzo del Banco de Germoplasma de la Universidad Nacional de Córdoba, reflejaron una correspondencia entre los agrupamientos con el origen y el parentesco de las mismas, y una particularidad de cada grupo con caracteres morfo-agronómicos compartidos. Mediante un enfoque Bayesiano se estableció la estructura genética de 53 accesiones asignando una proporción genómica y probabilidad de pertenencia de cada genotipo a cada uno de los grupos conformados. Se utilizó el programa STRUCTURE 2.3.4. El valor modal de la distribución del  $\Delta K$  ( $K=3$ ), indicó que corresponde la asignación del total de accesiones a 3 grupos con importante grado de diferenciación ( $F_{st} = 0,21$ ;  $F_{st} = 0,44$  y  $F_{st} = 0,37$ , para los grupos I, II y III respectivamente). Utilizando el modelo *admixture* se infirió la proporción genómica correspondiente a cada uno de los 3 grupos. Se detectaron 19 accesiones con más del 80% de pertenencia al grupo I; 15 al grupo II y 13 al grupo III.  $U_n = 0,0536$ , indicaría que la mayoría de las accesiones muestra pertenencia a uno de los tres grupos formados, con escasos individuos “mezclados genéticamente”. El agrupamiento está moderadamente correlacionado con el origen de los materiales y características morfo-agronómicas. Así, en el grupo I se encuentran accesiones con resistencia múltiple, el grupo II incluyó genotipos mexicanos y cultivares comerciales con tamaño de semilla grande y, el III, accesiones provenientes del cruzamiento entre JG62 y ILC72.

GV 6

### GENOTIPADO MULTILOCUS PARA EVALUAR DISTANCIAS GENÉTICAS EN ACCESIONES DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.)

Sosa M.<sup>1</sup>, C. Pereyra<sup>1</sup>, R. Delgado<sup>1</sup>, G. Collavino<sup>1</sup>, J. Carreras<sup>2</sup>, M. Pocovi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Marcadores Moleculares, FCN-UNSa, Salta, Argentina; <sup>2</sup>Departamento Producción Vegetal FCA-UNC, Córdoba, Argentina. e-mail: fcn13161@gmail.com

Nuestro país dispone de un número restringido de cultivares comerciales de garbanzo cuyo grado de parentesco supone una limitada variabilidad genética, por lo que resulta de fundamental importancia evaluar las relaciones genéticas entre los materiales del Banco de Germoplasma de la UNC. Un estudio previo con 8 SSR realizado sobre 53 accesiones reflejó una distancia genética de Prevosti promedio de 0,56, con un rango de 0 a 0,92. El objetivo del presente trabajo fue estimar nuevas distancias genéticas sobre la base del genotipado de las mismas accesiones con 12 marcadores SSR y clasificar los materiales aplicando la técnica de conglomerados UPGMA. Se estimaron medidas de distancia genética utilizando la descrita por Prevosti. Todos los SSR analizados mostraron un alto nivel de polimorfismo con un total de 57 alelos en el germoplasma analizado y un promedio de 4,75 alelos por locus. La nueva matriz de distancia genética tuvo una correlación de 0,87 ( $p < 0,0001$ ) con la matriz obtenida a partir de 8 SSR. La distancia promedio entre pares de genotipos fue de 0,62 con un rango de 0 a 0,92. En el análisis de conglomerados se detectaron tres grupos utilizando como criterio de corte el valor medio de distancia. Un coeficiente de correlación cofenético de 0,75, indicó un buen ajuste entre la matriz de distancia original y la matriz cofenética utilizada para construir el dendrograma. Los resultados fueron contundentes en cuanto al establecimiento de *clusters* que reflejan correspondencia con el origen y las características morfo-agronómicas comunes entre las accesiones.

## GV 7

## HERENCIA DEL REQUERIMIENTO DE VERNALIZACIÓN EN DISTINTOS ACERVOS GENÉTICOS DE ZANAHORIA (*Daucus carota* L.)

Wohlfeiler J.<sup>1</sup>, M.S. Alessandro<sup>1</sup>, P.F. Cavagnaro<sup>1,2</sup>, C.R. Galmarini<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>EEA La Consulta INTA, La Consulta, Mendoza; <sup>2</sup>CONICET y Cátedra de Horticultura y Floricultura, Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Luján de Cuyo, Mendoza. e-mail: josewohlfeiler@gmail.com

La zanahoria es una especie bienal que requiere un periodo de vernalización para inducir la floración. Algunos cultivares adaptados a zonas de clima cálido requieren menos tiempo de vernalización y se clasifican como anuales. Estudios previos han determinado que el requerimiento de vernalización está controlado por un gen simple con dominancia para la anualidad, llamado “VERN”, al menos en un acervo genético. El objetivo de este trabajo fue investigar la herencia del requerimiento de vernalización en poblaciones segregantes F2 de diversos acervos genéticos. Para ello, se utilizaron 19 poblaciones F2 derivadas de ocho cruzamientos entre fenotipos bienales y anuales de diferentes orígenes: B5XCriolla, B5XT88, KurXCriolla, KurXT60, KurXT88, B6XCriolla, B6XT60 y B6XT88. Los fenotipos bienales B5 y B6 son originarios de Estados Unidos y Kur de Japón; mientras que los fenotipos anuales T88 y T60 son de Turquía, y Criolla de Argentina. Las F2 fueron sembradas en mayo de 2016 en la EEA La Consulta; entre noviembre de 2016 y marzo de 2017 se evaluó el porcentaje de floración. Se fenotiparon como anuales o bienales ~300 plantas de cada F2. Seis poblaciones F2 se ajustaron al modelo de herencia simple con dominancia para la anualidad ( $0,0011 < 2 < 3,5$ ;  $0,062 < p < 0,97$ ), mientras que en cinco F2 hubo mayores desviaciones ( $0,00019 < p < 0,033$ ). Mediante estudios moleculares se podrá determinar si es el mismo gen VERN el que actúa en las poblaciones que se ajustaron al modelo antes propuesto.

## GV 8

## GENETICS OF TISSUE-SPECIFIC ANTHOCYANIN PIGMENTATION IN CARROT

Bannoud F.<sup>1</sup>, S. Ellison<sup>2</sup>, M. Fanzone<sup>3</sup>, D. Senalik<sup>2,4</sup>, T. Horejsi<sup>2,4</sup>, P. Simon<sup>2,4</sup>, P. Cavagnaro<sup>1,5</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>2</sup>Department of Horticulture, University of Wisconsin-Madison, 1575 Linden Drive, Madison, WI 53706-1590, USA; <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA EEA Mendoza, Luján de Cuyo, Mendoza, Argentina; <sup>4</sup>USDA-Agricultural Research Service, Vegetable Crops Research Unit, University of Wisconsin-Madison, 1575 Linden Drive, Madison, WI 53706-1590, USA; <sup>5</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo and INTA EEA La Consulta, Mendoza, Argentina. e-mail: fbannoud@mendoza-conicet.gob.ar, pablocavagnaro@hotmail.com

Purple carrots can accumulate anthocyanins in different root and leaf tissues. The consumption of these pigments may reduce the risk of cardiovascular disease, diabetes, arthritis and cancer, mainly due to their anti-oxidant and anti-inflammatory activities. In this study the genetic basis of anthocyanin accumulation in different tissues was investigated. An F2 population (N= 254) segregating for anthocyanin accumulation was visually phenotyped by scoring anthocyanin pigmentation in the root xylem and phloem and in leaf petioles. Additionally, the content of 5 anthocyanin pigments in the root xylem and phloem, independently, was estimated by HPLC analysis. A linkage map was constructed using 1014 Genotyping by Sequencing (GBS) markers, distributed across 9 linkage groups (LG), which covered 910 cM of total map length, with LGs ranging from 74.2 cM (Chr 5) to 124 cM (Chr 1). Genome wide association analysis in this F2 identified regions associated with tissue-specific anthocyanin pigmentation in carrot root. In addition, a region spanning ~1.5 Mbp of Chr 3 was significantly associated with anthocyanin accumulation in leaf petioles and the root xylem, suggesting that the same region conditions pigmentation in both tissues. Several regions on Chr 3 were significantly associated with phloem pigmentation, suggesting multiple loci conditioning this trait. Ongoing QTL mapping and transcriptome analysis by RNA-Seq in purple and non-purple phloem tissues may help to further delimit the chromosome regions associated with phloem pigmentation and find candidate genes for

GV 9

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN GERMOPLASMA ARGENTINO DE AJO MEDIANTE ANÁLISIS DE MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES

Barboza K.<sup>1</sup>, C.V. Acuña<sup>2</sup>, C.R. Galmarini<sup>1,3,4</sup>, P.F. Cavagnaro<sup>1,3,4</sup>.  
<sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>2</sup>Instituto de Biotecnología CICVyA INTA-Castelar, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Horticultura, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; <sup>4</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA La Consulta, Mendoza, Argentina. e-mail: pablocavagnaro@hotmail.com

El banco de germoplasma de ajo del INTA La Consulta (BGAILC) alberga materiales de diversos orígenes geográficos, con marcadas diferencias para múltiples caracteres de interés agronómico. Estos materiales representan la base genética aprovechable del programa nacional de mejoramiento de esta hortaliza. Este estudio evaluó la diversidad genética en una colección de 88 accesiones del BGAILC, utilizando 11 marcadores microsátélites. Se detectaron en total 49 alelos, con un rango de 3-7 alelos por locus y promedio de 4,5. La heterocigocidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) para los distintos loci microsátélites varió entre 0,07 y 0,87, y entre 0,10 y 0,66, respectivamente. El Índice de Contenido Polimórfico (PIC) varió entre 0,09 y 0,59, con un promedio de 0,37. Estos resultados indican que existe abundante variabilidad genética en el germoplasma argentino de ajo, factible de ser aprovechada en programas de mejoramiento de esta especie. A pesar de ello, algunas accesiones no pudieron diferenciarse con los marcadores ensayados. El análisis de agrupamiento (UPGMA) en base a los datos moleculares, reveló la existencia de cuatro grupos de accesiones con genotipos que compartían características morfológicas (e.g. emisión de vara floral y tipo comercial), comportamiento ecofisiológico y clasificación taxonómica (i.e. separación de los grupos *sativum*, *pekinense* y *ophioscorodom*). Los resultados y herramientas moleculares derivados de este estudio facilitaran el manejo de bancos de germoplasma y programas de mejoramiento de ajo en el país y otras regiones.

GV 10

## POLIMORFISMOS EN LOS PERFILES MOLECULARES DE GENOTIPOS DE Musa AAA (SUBGRUPO CAVENDISH) REGENERADOS *IN VITRO*

Ermini J.L.<sup>1,2</sup>, G. Tenaglia<sup>3</sup>, G.R. Pratta<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>IICAR, UNR, CONICET (Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Universidad Nacional de Rosario); <sup>2</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar Región Nordeste Argentino (IPAF NEA), Formosa, Argentina. e-mail: joseluis.ermi@unr.edu.ar

El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto de 10 ciclos de repiques sobre la estabilidad genética de plantas regeneradas (PR) a partir de explantos meristemáticos de dos genotipos (A y B) que mostraron diferencias en sus tasas de multiplicación *in vitro*. Para ello, se obtuvieron los perfiles de AFLP de A y B (que fueron los testigos, T), 23 PR de A y 30 PR de B. En los grupos formados por cada T y sus PR, se relevó el número total de bandas entre 650 y 50 pb (NTB), el porcentaje de bandas polimórficas (%BP= número de bandas polimórficas entre PR y T x 100/NTB) y el número de pares de bandas con comportamientos idénticos (BCI). NTB fue 66 en A; con un promedio de  $31,8 \pm 16,5$  bandas en PR, %BP= 99,2% y BCI= 24. En el polimorfismo observado, se detectaron comportamientos de presencia y ausencia diferencial en PR respecto a A, contándose en PR 128 bandas en total. Respecto al genotipo B, NTB= 68, NTB promedio en las 30 PR=  $30,9 \pm 18,7$ , %BP= 99,3% y BCI= 21, con 144 bandas totales en estas PR. El polimorfismo observado, aunque alto, es congruente con lo informado por otros autores en diferentes especies cuando se emplea AFLP. Para los materiales evaluados en este trabajo, se observó una disminución de bandas en PR respecto a T luego de 10 ciclos de repique. El polimorfismo molecular detectado indica que el cultivo *in vitro* prolongado afectó la estabilidad genética de ambos genotipos de banana en forma similar. La disminución en el número de bandas podría deberse, de acuerdo a la bibliografía, a metilaciones en el ADN provocadas por el estrés inducido por los numerosos repiques efectuados.

GV 11

## SIMILITUD GENÉTICA DE INTRODUCCIONES DE OLIVO (*Olea europaea* L.) DEL COMPLEJO “MANZANILLA” DE LAS COLECCIONES DEL INTA CATAMARCA Y JUNÍN (MENDOZA)

Costero C.B.<sup>1,3</sup>, L. Torres<sup>1,3</sup>, R.J. Taborda<sup>2,3</sup>, A. Toro<sup>4</sup>, L. Prenol<sup>4</sup>, M. Garramuño<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Genética; <sup>2</sup>Fruticultura; <sup>3</sup>Laboratorio de Calidad Genética y Sanitaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias, UNC; <sup>4</sup>EEA, INTA Catamarca. e-mail: prenol.luis@inta.gob.ar

En bancos de germoplasma de olivo verificar la identidad de sus introducciones respecto a referentes varietales es un requisito indispensable. Los objetivos del trabajo fueron validar la denominación varietal de 13 introducciones de la colección de la EEA-INTA Catamarca (Co.C) respecto a 8 cultivares de referencia del banco de germoplasma de olivo de la EEA-INTA Junín, Mendoza (Co.M) y determinar la diversidad intravarietal del complejo manzanilla. Cinco microsatélites, DCA09, Gapu71, Gapu101, Gapu103, y OLi26 fueron amplificados a partir del ADN extraído de hojas jóvenes. Los productos de la PCR se resolvieron en geles de bis-acrilamida al 15% y los perfiles alélicos se analizaron mediante el programa InfoStat. La similitud genética varió de 1 (MaCa58.C, MaIm57.C, MaCo55.C y MaIs61.C respecto a Manzanilla de Carmona, Aceitera, Imperial e Israelí respectivamente) a 0,44 y 0,29 (MaCN111.C y N1.74.C respecto a Española e Israelí, respectivamente). MaFi62.C presentó alta similitud (0,91) con el cv. Española no así el presunto homónimo de éste, MaEs59.C. Los genotipos elite CH106.C, MaDe56.C y MaEs59.C comparten entre sí una base genética mayor (0,73 a 0,8 de similitud) que con los referentes, mientras que GuPo107.C, Ma(x4)112.C y MaSa102.C se relacionan con los cultivares Aceitera e Imperial. Se descarta la posible sinonimia entre Manzanilla de Carmona, 2 Hermanas, Común, Fina, Sevillana Fina. La caracterización morfológica, unida a los datos moleculares obtenidos, contribuirá a dilucidar (determinar) con mayor precisión la similitud genética de los materiales estudiados.

GV 12

## VIABILIDAD DE POLEN Y CONTENIDO DE GLICÓSIDOS DE *Stevia rebaudiana* (BERTONI) BERTONI EN TUCUMÁN

Budguer C.J.<sup>1</sup>, L.E. Erazzú<sup>2</sup>, E.L. Camadro<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética (FAZ-UNT); <sup>2</sup>INTA EEA Famailla; <sup>3</sup>Unidad Integrada EEA "Domingo Pasquale", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Cs. Agrarias, UNMDP-CONICET. e-mail: carlosjbudguer@gmail.com

*Stevia rebaudiana* (Bertoni) Bertoni ( $2n=2x=22$ ) es una especie de la familia Asteraceae que presenta valor comercial por su contenido de glicósidos diterpénicos no calóricos que le confieren un poder edulcorante 300 veces mayor al azúcar. Es de reproducción alógama y algunos autores informan apomixis. Para evaluar la adaptación de material genético a las condiciones agroecológicas de Tucumán, en 2013 se inició una colección de genotipos de diferentes ambientes de Argentina que se mantiene a campo en INTA EEA Famaillá, Tucumán. En la misma se observó una escasa producción de semilla viable. Como paso inicial en la caracterización se realizó el estudio de viabilidad de polen y determinación del contenido de esteviósido y rebaudiósido A, de genotipos de la colección. La viabilidad de polen se determinó en muestras individuales de 20 genotipos, coloreadas con carmín acético en glicerina 0,5%. Para la medición del contenido de glicósidos se obtuvo extracto a partir de hojas, que se utilizó para las determinaciones por HPLC. Se observó que 90% de genotipos estudiados presentaban viabilidad del polen superior a 80%, mientras que 10% tuvieron viabilidad menor a 50%, por lo que la escasa producción de semilla no puede atribuirse a la viabilidad del polen. En 10 genotipos, la variación en el contenido de esteviósido fue de 3,5 a 10,95 gr/100g, mientras que de rebaudiósido A fue de 1,03 a 6,88 g/100g. La variabilidad detectada alienta a continuar las actividades de caracterización de esta especie en Tucumán con vistas al mejoramiento genético.



GV 13

### EXPRESIÓN DIFERENCIAL DEL GEN *NAC2* DEBIDA A LA APLICACIÓN DE ABA Y ETILENO EN DOS LÍNEAS DE TRIGO

Tacaliti M.S.<sup>1</sup>, E. Tocho<sup>1</sup>, J.P. Lirón<sup>2</sup>, A.M. Castro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigación en Sanidad Vegetal (CISaV), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP; <sup>2</sup>Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), UNCPBA-CICPBA-CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Tandil. e-mail: maria.tacaliti@agro.unlp.edu.ar

Bajo condiciones de estrés biótico o abiótico, los genes relacionados con las defensas de las plantas presentan un patrón de expresión específico, de modo que su sobreexpresión o supresión puede incrementar la tolerancia de las plantas al estrés. Los genes *NAC* constituyen una de las mayores familias de factores de transcripción que funcionan en las regiones promotoras de diferentes genes relacionados con el estrés. El objetivo del trabajo fue conocer la expresión diferencial del gen *NAC2* localizado en el cromosoma 6AS de trigo, luego de la aspersión de fitohormonas o la infestación con pulgón ruso. En tercera hoja expandida, siete plantas de cada línea (M y P) se asperjaron con etileno 50 mM o con ácido abscísico 10  $\mu$ M, independientemente. Se infestó otro grupo de plantas de ambas líneas con 10 adultos de pulgón ruso (*Diuraphis noxia*), reservando un cuarto grupo como testigo. Mediante RT-qPCR se estudió la expresión del gen regulador *NAC2* en los materiales y tratamientos descriptos (*Gen Bank* HQ630372.1). El tratamiento con ABA aumentó tres veces la expresión del gen *NAC2* en la línea M, mientras que en la línea P el tratamiento con ET aumentó doce veces la expresión del gen *NAC2*. Sin embargo, el daño provocado por los pulgones no modificó la expresión de dicho gen en ninguna de las líneas, lo que podría sugerir que este gen no está implicado en la tolerancia de estas líneas al áfido. Los resultados encontrados sugieren que la expresión del gen *NAC2*, gen que se relaciona con la transcripción en situaciones de estrés, es diferencial entre ambas líneas.

GV 14

### *Carya illinoensis*: PUESTA A PUNTO DE UN PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ADN Y AMPLIFICACIÓN DE SSRS

Lannutti L.<sup>1</sup>, M.C. Soldati<sup>1,2</sup>, N.C. Aguirre<sup>1,2,3</sup>, F. Pantuso<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biología Molecular, Facultad de Cs. Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón; <sup>2</sup>CNIA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria; <sup>3</sup>CONICET. e-mail: fpantuso@unimoron.edu.ar

El pecán (*Carya illinoensis*) se distribuye naturalmente en Norteamérica pero, debido a su gran valor económico, es cultivado en todo el mundo. En Argentina se estima que al día de hoy se producen alrededor de 500 tn anuales, utilizando principalmente 20 variedades de las descritas para la especie. Su fruto es altamente nutritivo y poco perecedero. Se ha planteado como problemática una alta variabilidad de fenotipos presentes dentro de una misma variedad, con consecuencias desfavorables en los niveles de producción. En el largo plazo se tratará de determinar la variabilidad genética presente en diferentes cultivares de pecán del país. Aquí presentamos los resultados preliminares respecto de la puesta a punto de la extracción de ADN y de la amplificación de marcadores SSR. Se trabajó con un total de 17 variedades de la especie, colectándose de 1 a 6 individuos por variedad (N= 97), de 3 productores de la provincia de Buenos Aires. Para extraer ADN se optó por modificar el protocolo con CTAB, centrifugando a 13000 rpm y tratando con RNAsa una vez re-suspendido en buffer TE1X. Al mismo tiempo, se modificaron las concentraciones de Acetato de Sodio y Etanol para lograr la precipitación. Se lograron de esta forma extracciones de ADN de calidad, apto para los ensayos con marcadores. Se modificaron las condiciones de PCR para los SSR respecto de las originales. Las temperaturas de annealing se establecieron en un rango de 54°-58 °C y las concentraciones de MgCl2 en un rango de 1,5-3 mM, lográndose una amplificación exitosa en los marcadores evaluados.

GV 15

### CARACTERIZACIÓN MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES DE VARIETADES DE NOGAL (*Juglans regia* L.) OBTENIDAS POR EL INTA

Ulrich N.<sup>1</sup>, A. Toro<sup>2</sup>, A. Prativiera<sup>2</sup>, D. Tosto<sup>1,3,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires; <sup>2</sup>INTA EEA Catamarca. Sumalao, Dpto. Valle Viejo, Catamarca; <sup>3</sup>Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA; <sup>4</sup>CONICET. e-mail: toro.alejandro@inta.gob.ar tosto.daniela@inta.gob.ar

El cultivo del nogal en Argentina data desde su introducción por los franciscanos, arraigándose en las zonas áridas de altura del noroeste y cuyo, cubriendo actualmente 16.000 Ha. A inicios de los 80 el INTA Catamarca inicia un proceso de mejoramiento del cultivo en base a material californiano y selecciones locales. A mediados de los 90 se seleccionaron 28 variedades promisorias. Recientemente fueron inscriptas en INASE 12 variedades INTA (Jais Mayette, Ramillete, Argentina, Chichi Jais, Davis, Jais Franquette, Trompito, Yaco Tula, Choya, California, Denett y Catamarca). El objetivo fue caracterizar mediante marcadores SSR las variedades de nogal. Se utilizaron 9 SSR (WGA1, WGA32, WGA69, WGA71, WGA225, WGA276, WGA331, WGA332, WGA376) que resultaron polimórficos y amplificaron productos entre 150 y 300 pb. Los resultados permitieron la identificación genética de las variedades INTA, complementando los perfiles moleculares a los descriptores morfológicos. El análisis de clúster expuso las distancias genéticas relativas entre los materiales. Estos estudios revelaron una elevada variabilidad genética del germoplasma estudiado que podrá utilizarse en estudios de mejoramiento.

GV 16

### HEREDABILIDAD DE CARACTERES DE INTERÉS PARA EL MEJORAMIENTO Y LA CONSERVACIÓN DEL RECURSO GENÉTICO *Prosopis alba*

Camps Mora M.<sup>1</sup>, I. Teich<sup>1,2,4</sup>, A. Verga<sup>1</sup>, D. López Lauenstein<sup>1</sup>, G. Molina<sup>3,4</sup>, M. Balzarini<sup>2,3</sup>, E.P. Cappa<sup>2,5</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales, CIAP-INTA; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad Nacional de Córdoba; <sup>4</sup>Universidad Católica de Córdoba; <sup>5</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Recursos Biológicos, Centro de Investigación en Recursos Naturales. e-mail: teich.ingrid@inta.gob.ar

La tasa de fragmentación y reducción de los bosques en la región Chaqueña es una de las mayores en el mundo. Un componente principal de estos bosques es *Prosopis alba*, la especie de Algarrobo de mayor distribución geográfica y uso. Frente al insostenible incremento de su explotación, se vienen realizando trabajos con el fin de identificar y caracterizar poblaciones base para su inclusión en programas de mejoramiento y conservación, utilizando frecuentemente un conjunto de descriptores foliares como marcadores genéticos. En este trabajo se propone estimar la heredabilidad en sentido estricto de dichos caracteres. Para esto se muestrearon 229 árboles de 42 familias de medio hermanos de 6 procedencias diferentes en un ensayo de progenies con un diseño en bloques generalizados, situado en Laguna Yema, Formosa. Se midieron 12 caracteres foliares en 7 hojas en promedio por árbol. Los componentes de varianza se estimaron mediante un modelo lineal mixto y el método de máxima verosimilitud restringida REML. El modelo mixto incluyó efectos fijos de bloque y procedencia y un efecto aleatorio de familia. Las heredabilidades difirieron entre caracteres (0,11 a 0,89), siendo el área foliar y la relación entre largo y ancho de foliólulos los de mayor heredabilidad, confirmándose valor taxonómico de dichos caracteres. Por el contrario, la distancia entre foliólulos fue el carácter de menor heredabilidad. Estos resultados resultan de interés para los estudios genético-ecológicos y evolutivos que se realizan a escala regional en *P. alba*.

GV 17

## CARACTERIZACIÓN CROMOSÓMICA Y REPRODUCTIVA DE *Paspalum vaginatum* SW. TETRAPLOIDE

Perichon M.C.<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, Misiones. e-mail: ahonfi@gmail.com

*Paspalum vaginatum* es una especie pantropical de gran interés por sus cualidades estéticas como césped. Posee dos citotipos registrados, sin embargo las poblaciones naturales son principalmente de condición diploide ( $2n=2x=20$ ). En este trabajo se estudian colecciones tetraploides ( $2n=4x=40$ ) procedentes de Misiones y Corrientes, Argentina. Los cromosomas mitóticos se analizaron con tinción clásica de Feulgen, la microsporogénesis se estudió con carmín acético al 2% y la compatibilidad polen-pistilo con azul de anilina al 0,1%. Las tres procedencias analizadas presentaron  $2n=40$  cromosomas. El comportamiento meiótico fue irregular, con un promedio de 12II+4IV en las CMP analizadas. La meiosis concluye con la formación de tétrades, pero ocasionalmente se observan tríadas. La viabilidad del polen fue del 65% y los granos presentaron diámetros variables entre 7,82 a 12,77  $\mu\text{m}$ . La germinación *in vivo* del polen bajo condiciones de polinización abierta controlada fue del 64,5%; éstos germinan y presentan crecimiento del tubo polínico normal a través de las papilas estigmáticas. La producción de semillas en condiciones de polinización abierta fue del 34,7%, mientras que en autopolinización fue del 19,6%, con Índices de Fertilidad de 0,316-0,378 según la accesión. Aun cuando se produce suficiente cantidad de polen viable, se observa una baja producción de semillas en las tres colecciones tetraploides analizadas.

GV 18

## DIFERENCIAS HETEROCRÓNICAS EN EL DESARROLLO REPRODUCTIVO FEMENINO ENTRE EL CITOTIPO DIPLOIDE SEXUAL Y EL TETRAPLOIDE APOMÍCTICO DE *Paspalum rufum*

Soliman M.<sup>2</sup>, F. Espinoza<sup>2</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>, L. Delgado. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); <sup>2</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). e-mail: marianosoliman@gmail.com

*Paspalum rufum* Ness es una especie nativa perenne cuyas poblaciones naturales forman complejos agámicos compuestos principalmente por dos citotipos: diploide ( $2n=2x=20$ ), sexual y altamente auto-incompatible y tetraploide ( $2n=4x=40$ ) apomíctico, apospórico, pseudógamo y auto-compatible. El objetivo de este trabajo fue comparar el desarrollo reproductivo sexual y la aparición de células iniciales de la aposporia entre el citotipo diploide sexual y el tetraploide apomíctico. Se utilizaron como materiales de estudio genotipos diploides ( $2x$ ) sexuales capaces de generar sacos apospóricos en bajas proporciones y tetraploides ( $4x$ ) apomícticos facultativos. Se realizaron observaciones cito-embriológicas en diferentes estadios de desarrollo reproductivo en ambos citotipos. En el citotipo  $2x$  se observó que el desarrollo del megasporocito y el megagametofito están igualmente coordinados. Sin embargo, en el citotipo  $4x$ , se evidenció un retraso en la megasporogénesis respecto a la microsporogénesis. En concordancia con estos resultados el desarrollo reproductivo femenino del citotipo  $4x$  también presentó un retraso respecto al citotipo  $2x$  en referencia al crecimiento del ovario. Esta asincronía se vio reflejada en la aparición de las células iniciales de la aposporia que se observaron simultáneamente con estadios reproductivos femeninos más jóvenes en el citotipo  $4x$  comparado con el  $2x$ . Nuestros resultados evidencian un retraso en el desarrollo sexual femenino en el citotipo  $4x$  respecto al  $2x$  lo que podría favorecer la expresión de la apomixis preponderante en este citotipo.

GV 19

## SÍNDROMES DE POLINIZACIÓN Y PRODUCCIÓN DE SEMILLAS EN DIPLOIDES Y POLIPLOIDES DE *Habranthus* (Amaryllidaceae)

Gianini Aquino A.C.<sup>1</sup>, A.I. Honfi<sup>1</sup>, J.R. Daviña<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, Misiones.  
E-mail: anita\_gianini@hotmail.com

*Habranthus* es un género de bulbosas con potencial ornamental y escasos estudios sobre fertilidad, tanto en diploides como poliploides, aspectos relevantes e indispensables para proponer planes de mejoramiento y conservación. El objetivo del trabajo es determinar la fertilidad, la compatibilidad polen-pistilo, grado de autogamia y alogamia en diploides y poliploides de *Habranthus*. Se estudiaron *H. chacoensis*, *H. robustus* ( $2n=2x=12$ ), y *H. tubispathus* ( $2n=4x=24$ ). Las fijaciones en FAA se hicieron entre las 3 y 24 hs post-polinización. Las semillas se cosecharon bajo condiciones de autopolinización y polinización cruzada controlada. El crecimiento del tubo polínico en diploides y poliploides concluye el recorrido hacia el micrópilo a las 10 hs transcurridas de post-polinización. La viabilidad del polen fue alta en todas las especies, 80,34% en *H. chacoensis*, 89,65% en *H. robustus* y 73,14% en *H. tubispathus*. La germinación del polen *in vivo* fue mayor en polinización abierta que en autopolinización en *H. chacoensis* y *H. tubispathus*. La producción de semillas ocurre tanto en condiciones de autopolinización como de polinización abierta en todas las especies. En *H. chacoensis* (51,86% y 59,17%), en *H. robustus* (66,54% y 45,75%) y en *H. tubispathus* (57,49% y 53,35%), respectivamente. En flores no polinizadas, castradas y ensobradas hasta la madurez, no se formaron semillas, evidenciando la necesidad de polen para la producción de semillas en diploides y poliploides. Los resultados indican que las especies diploides son autocompatibles facultativas y las poliploides seudógamas.

COMUNICACIONES LIBRES



# **GENÉTICA Y EDUCACIÓN**



## GEDU 1

### COMPARACIÓN EN RENDIMIENTO ACADÉMICO EN LA ASIGNATURA GENÉTICA DE LOS ALUMNOS DE LA LIC. EN BIOLOGÍA MOLECULAR CON DIFERENTES PLANES DE ESTUDIO

Vasquez Gomez M.E.<sup>1</sup>, I.I. González<sup>1</sup>, P. Ferraris<sup>1</sup>, S.E. Siewert<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional de San Luis.

E-mail: eridnere@gmail.com

El plantel docente perteneciente a Genética, del Área Biología Molecular de la UNSL, dicta la asignatura Genética para la carrera de Licenciatura en Biología Molecular. En el año 2014 esta carrera tuvo un cambio en el plan de estudio, donde pasó de tener 25 materias a 36 y la carga horaria total del cuatrimestre, en donde se dicta nuestra materia, de 290 hs (Genética: 120 hs; Inmunología: 50 hs y Química Biológica: 120 hs) a 375 hs (Genética: 90 hs; Química Analítica: 90 hs; Anatomo-fisiología humana: 90 hs y Microbiología: 105 hs). Evaluamos el rendimiento académico de los alumnos de la carrera durante 2016 (plan 11/06) y 2017 (plan actual 15/14) calculando el porcentaje de alumnos promocionales, regulares y libres. Se observó que los alumnos correspondientes al año 2016 regularizó el 33,3% y promocionó el 66,7%; en cuanto a los alumnos del año 2017 regularizó el 72,7% y promocionó el 27,3%. De estos resultados podemos visualizar las notables diferencias en el rendimiento en la misma asignatura con los diferentes planes, observándose que aunque la exigencia de aprobación de la materia es el mismo, es mayor el rendimiento académico en los alumnos del año 2016 (crédito horario: 120 hs) con respecto al año 2017 (crédito horario menor: 90 hs). Esto se debe a que estos últimos cursan una materia más que los alumnos del año 2016 y en consecuencia tienen una mayor carga horaria. Todas estas actividades no se realizan con una currícula en bloque, lo que no permite a los alumnos organizar sus tiempos de manera eficiente para estudiar cada una de las materias del cuatrimestre.

## GEDU 2

### ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA EN GENÉTICA PARA AGRONOMÍA: SEMINARIO LAS LEYES DE MENDEL

Castillo E.<sup>1</sup>, F. Tamargo<sup>1</sup>, L. Guibergia<sup>1</sup>, N. Máspero<sup>1</sup>, F. Traverso<sup>1</sup>, A. Vicente<sup>1</sup>, C. Vicente<sup>1</sup>, M. López<sup>1</sup>, A. Beccari<sup>1</sup>, F. Grossi Vanacore<sup>1</sup>, D. Vega<sup>2</sup>, H. di Santo<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; <sup>2</sup>Becaria CONICET.

E-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

El conocimiento de las leyes de la Herencia Mendeliana resulta de especial interés para la comprensión integral de la asignatura Genética en Agronomía. A través de la inclusión de un seminario sobre el tema, se busca la lectura previa de la publicación original de Mendel referida a los experimentos de hibridación en plantas, su análisis y comparación de los conceptos utilizados con los actuales conocimientos de Genética. El objetivo del trabajo fue estudiar el impacto del seminario como herramienta para la comprensión de las leyes de la herencia. Se utilizaron las notas obtenidas en los exámenes parciales durante los años 2014-2015 (sin seminario) y los años 2016-2017 (con seminario) y los puntajes de las preguntas específicas de los exámenes que incluían contenidos de herencia monogénica y de dos o más genes. Se realizaron comparaciones mediante pruebas “t” y correlaciones simples en una muestra de 380 parciales. Los valores medios de las notas de los exámenes sin seminario ( $44,3 \pm 16,7\%$ ) y con seminario ( $49,6 \pm 18,6\%$ ) difirieron en forma estadísticamente significativa ( $t= 2,93^*$ ). Los puntajes de las preguntas específicas relacionadas al seminario e incluidas en los parciales no arrojaron diferencias significativas ( $t= 0,16$  ns); sin embargo, se correlacionaron significativamente ( $r= 0,74^{***}$ ) con las notas de los exámenes. En función de las notas de los parciales, el seminario resultó positivo para la comprensión de los conceptos referidos a la transmisión y distribución del material genético.

## GEDU 3

**LA MALA PRENSA DE GENÉTICA DE POBLACIONES: ¿MITO O REALIDAD?**

Barrandeguy M.E.<sup>1,2,3</sup>, D.J. Sanabria<sup>1,3</sup>, M.V. García<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Cuantitativa, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas (UNaM-CONICET); <sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET-Argentina); <sup>4</sup>Laboratorio de Biología Molecular Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones.  
E-mail: vgarcia@fceqyn.unam.edu.ar

La Genética de Poblaciones es un área disciplinar de la Genética cuyos contenidos la abarcan de manera transversal. Sus aplicaciones remiten a campos tan dispares como conservación o manejo de biodiversidad, producción o antropología, demandando una fuerte formación en esta disciplina en las Licenciaturas en Genética. Sin embargo, resulta difícil despertar el interés de los estudiantes debido a la necesidad de aplicar conocimientos en matemática y estadística. Es por ello que para acercar la Genética de Poblaciones al estudiante y, bajo la hipótesis de que la incorporación de elementos de uso cotidiano en las clases contribuyen a hacer de esta disciplina un área amigable, se implementaron actividades prácticas incluyendo la utilización de *software* para el análisis de datos moleculares y la utilización de datos empíricos recientemente publicados y disponibles en bases de datos de libre acceso. Además, se incentivó la lectura crítica de los resultados aplicando los conceptos teóricos propios de la disciplina. La actividad planteada permitió el contacto directo de los alumnos con un problema real que pudieron resolver asumiendo el rol de investigadores y proponer nuevos análisis a partir de la aplicación de conceptos disciplinares. La implementación de esta metodología permitió que los alumnos interpretaran en términos genéticos un resultado numérico, analizando los procesos que operan sobre las frecuencias alélicas en las poblaciones.

## GEDU 4

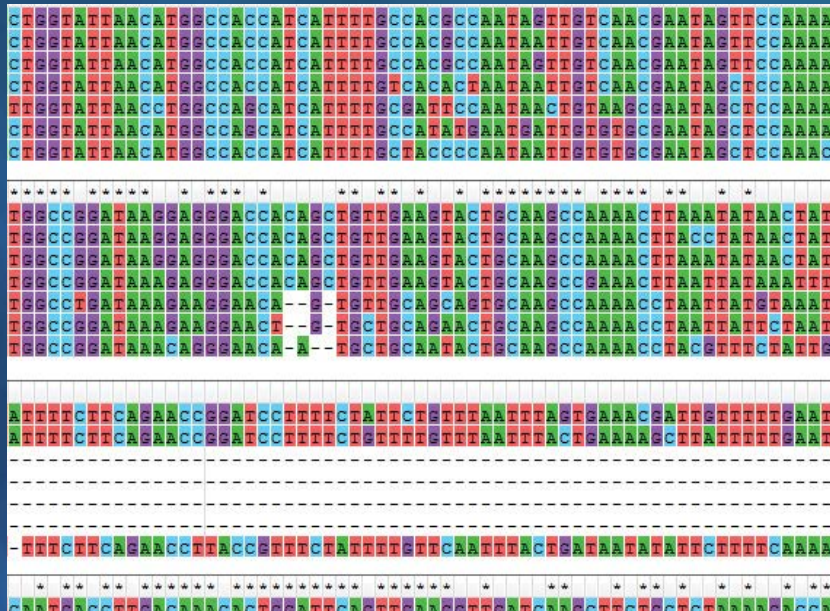
**TUTORÍAS DE PARES EN LA ASIGNATURA GENÉTICA PARA AGRONOMÍA**

Beccari A.<sup>1</sup>, B. Galván<sup>1</sup>, L. Giubergia<sup>1</sup>, F. Grossi Vanacore<sup>1</sup>, M. López<sup>1</sup>, J. Luna<sup>1</sup>, N. Máspero<sup>1</sup>, T. Palermo<sup>1</sup>, F. Tamargo<sup>1</sup>, F. Traverso<sup>1</sup>, A. Vicente<sup>1</sup>, C. Vicente<sup>1</sup>, D. Vega<sup>2</sup>, H. di Santo<sup>1</sup>, E. Castillo<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; <sup>2</sup>Becaria CONICET.  
E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Genética se desarrolla durante el tercer año de Ingeniería Agronómica, FAV, UNRC. Constituye uno de los bloques con mayor dificultad de comprensión por la complejidad de sus contenidos y se acentúan las dificultades en estudiantes que demoran en rendir el examen final. Con el objetivo de aportar herramientas que faciliten la integración y el repaso de conocimientos adquiridos, y que colaboren en la aprobación del examen final, se desarrollaron tutorías de pares. Las mismas consistieron en clases de repaso de los trece temas del programa desarrolladas por los Ayudantes de Segunda *ad-honorem* de la asignatura. Cada tema se expuso en una hora aproximadamente, incluyendo tiempo para responder preguntas de los alumnos con la colaboración de los docentes efectivos. Los estudiantes se agruparon en asistentes a las tutorías (AT) y no asistentes (NT). Mediante pruebas “t” se analizaron las veces que rindieron el examen final durante las tutorías, las veces que rindieron en total y la calificación obtenida. Los resultados mostraron que los AT se presentaron a rendir más veces durante las tutorías (1,58 *vs.* 0,58;  $p=0,0021$ ) y los NT rindieron más veces en total (3,46 *vs.* 2,71 veces;  $p=0,269$ ). La calificación promedio de AT fue superior a los NT (4,20 *vs.* 3,91;  $p=0,3198$ , sin diferencias significativas). El 58,7% de los AT logró aprobar el examen final, mientras que entre los NT sólo aprobó el 44,0%. Estos resultados alientan a continuar con actividades de apoyo a los estudiantes para rendir los exámenes finales y verificar estas tendencias.



COMUNICACIONES LIBRES



GENÓMICA Y  
GENÉTICA  
MOLECULAR



## GGM 1

## BÚSQUEDA DE DELECCIONES GRANDES EN REGIONES DEL PLASTOMA CON REPETICIONES DIRECTAS EN PLÁNTULAS PORTADORAS DEL MUTADOR DE CLOROPLASTOS DE LA CEBADA

Lencina F.<sup>1,2</sup>, V. Brizuela<sup>1</sup>, A. Landau<sup>1</sup>, M.E. Petterson<sup>1</sup>, M.G. Pacheco<sup>1</sup>, K. Kobayashi<sup>2</sup>, A. Prina<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "E.A. Favret", CICVyA, CNIA, INTA Castelar; <sup>2</sup>Laboratorio de Agrobiotecnología, IBBEA-CONICET-FBMC-UBA, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). E-mail: lencina.franco@inta.gob.ar

Entre los cambios moleculares en el ADN del plastoma producidos por el genotipo mutador de cloroplastos de la cebada (*cpm*) identificados mediante TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*), se observaron 3 casos de deleciones grandes de 45, 79 y 620 pb, que se ubicaron entre secuencias de repeticiones directas. La causa de las deleciones sería la recombinación entre estas dos repeticiones. El objetivo de este trabajo fue determinar si este mecanismo de recombinación podría estar actuando en otras regiones del plastoma que presentan repeticiones directas. Mediante el *software* REPuter se buscaron en el plastoma de cebada las regiones que contienen repeticiones directas de entre 20 y 40 pb de longitud y separadas por una distancia de hasta 200 pb. Se analizaron dos regiones con estas características: una contenida en el gen *rpoC2* que codifica a la subunidad beta de la ARN polimerasa y la otra que contiene al gen *trnfM* del ARN de transferencia tRNA-Met. Se diseñaron cebadores para amplificar estas regiones por PCR y analizar la existencia de deleciones grandes mediante la digestión con *Celery Juice Extract* (CJE) según el protocolo de TILLING. Esto se realizó en 304 plántulas de cebada *cpm* que atravesaron muchas generaciones bajo el accionar del mutador. No se identificaron deleciones grandes en ninguna de las dos regiones analizadas. Sin embargo, se identificó una sustitución A1899G en el gen *rpoC2*. Se concluye que el mutador no produjo la recombinación de las repeticiones directas ubicadas en las regiones *rpoC2* y *trnfM* en las plántulas analizadas.

## GGM 2

## SECUENCIACIÓN MASIVA DE AMPLICONES DEL PLASTOMA DE MUTANTES AISLADAS A PARTIR DE PLANTAS PORTADORAS DEL MUTADOR DE CLOROPLASTOS DE CEBADA

Landau A.M.<sup>1</sup>, F. Lencina<sup>1</sup>, M.E. Petterson<sup>1</sup>, V. Brizuela<sup>1</sup>, M.G. Pacheco<sup>1</sup>, A.R. Prina<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, CNIA, INTA. E-mail: landau.alejandra@inta.gob.ar

El mutador de cloroplastos de cebada (*cpm*) es un mutante de un gen nuclear cuya deficiencia origina cambios moleculares en el plastoma. Anteriormente, por la técnica de TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*) dirigida al plastoma de plántulas *cpm* se hallaron numerosos polimorfismos originados en al menos 61 eventos mutacionales. Los cambios encontrados hasta el momento, tanto por genética directa como reversa, indican que el *cpm* produce mayormente sustituciones y pequeños indels. Además, se observó que incrementa la tasa de recombinación entre segmentos heterólogos. En este trabajo, se puso a punto la técnica de Long PCR para amplificar el plastoma completo de cebada y realizar una secuenciación masiva de amplicones. Ello se hizo sobre mutantes aisladas por sus fenotipos a partir de plantas *cpm* y luego estabilizadas por cruzamiento librándolas del mutador. Para ello, se diseñaron 14 amplicones de un tamaño de entre 7 y 14 kb. Se logró amplificar y secuenciar mediante la tecnología Illumina los plastomas de seis mutantes. El análisis bioinformático de las secuencias realizado hasta ahora reveló que la mutante LC13, caracterizada por presentar bandas horizontales deficientes en clorofila, porta dos mutaciones, cada una afectando un gen diferente del complejo ATP sintasa, componente del aparato fotosintético. Estas mutaciones explicarían el fenotipo observado. El conocimiento de la secuencia completa del plastoma y la identificación de los polimorfismos presentes en plantas *cpm* nos permitirá una mejor estimación de la relación fenotipo/genotipo en cada mutante.

## GGM 3

### OBTENCIÓN DEL TRANSCRIPTO Y PREDICCIÓN DE LA ESTRUCTURA SECUNDARIA Y TERCIARIA DE LA ENZIMA HST DE *Ilex paraguariensis*

Sanchez D.M.<sup>1</sup>, D.A. Marti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical, Nodo Posadas, CONICET, FCEQyN, UNaM.  
E-mail: sanchez\_denisse@hotmail.com

La yerba mate representa una parte importante en la dieta en nuestra región, es considerada una fuente de antioxidantes originados por la vía de los fenilpropanoides. La enzima *shikimate O-hydroxycinnamoyl transferase* (HST) está involucrada en dicha biosíntesis catalizando la reacción:  $4\text{-coumaroyl-CoA} + \text{shikimate} \rightleftharpoons \text{CoA} + 4\text{-coumaroylshikimate}$ . Las estructuras tridimensionales de proteínas (3D) proporcionan información valiosa sobre las bases moleculares de su función, permitiendo un diseño eficaz de experimentos, tales como mutagénesis dirigida, estudios de mutaciones relacionadas con enfermedades o el diseño basado en estructura de inhibidores específicos. Con el objetivo de obtener la estructura molecular 3D de la enzima HST, realizamos una búsqueda *blast* de dicha enzima en nuestra base de datos anotada del transcriptoma de *Ilex*, utilizando como templatado la correspondiente ortóloga de *Arabidopsis thaliana*. A partir de dicho *blast*, seleccionamos un *hit* de *Ilex* para la enzima según su longitud, identidad y E-value. Luego con este parálogo de *Ilex* utilizamos el *software* Chimera minando en la base de datos PDB y tomando el modelo completo de mayor resolución e identidad. Resultó que la enzima HST de *Ilex* presenta 64,17% de identidad en el alineado contra HST de *Solenostemon scutellarioides* (UniProtKB: E8ZAP2, PDB: 5KJV\_A). El modelo por homología con 5KJV\_A seleccionado superó las validaciones de calidad en *Ramachandran plot* con 96,6% de los residuos en las zonas favorecidas, *Verify3D* con todos los valores sobre cero y en *Qmean*.

## GGM 4

### UNA POSIBLE RUTA METABÓLICA DEL ÁCIDO CAFEOILQUÍNICO EN *Ilex paraguariensis* A. ST. HILAIRE

Sanchez D.M.<sup>1,2,3</sup>, E. Sosa<sup>1,4</sup>, G. Burguener<sup>4</sup>, C. Modenutti<sup>1,4</sup>, A. Turjanski<sup>1,4</sup>, D.A. Marti<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>2</sup>Comité Ejecutivo de Desarrollo e Innovación Tecnológica (CEDIT); <sup>3</sup>Instituto de Biología Subtropical, Laboratorio de Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, UNaM; <sup>4</sup>IQUIBICEN, BIA, UBA.  
E-mail: sanchez\_denisse@hotmail.com

La yerba mate es preparada a partir de *Ilex paraguariensis* A. St. Hilaire. El ácido clorogénico (CGA) es el compuesto fenólico más importante de su extracto. Posee propiedades beneficiosas para la salud, siendo anti-oxidante, anti-inflamatorio, anti-lipémico, entre otras; y es precursor de la síntesis de Oseltamivir (Tamiflu® Roche). Con el fin de analizar los genes de la vía metabólica del CGA y genes relacionados, utilizamos la base de datos KEGG y seleccionamos cinco enzimas candidatas que estarían involucradas en el metabolismo del CGA en *I. paraguariensis*, estas son: PAL, EC: 4.3.1.24; 4CL, EC: 6.2.1.12; CYP73A, EC: 1.14.13.11; HCT, EC: 2.3.1.133 y CYP98A, EC: 1.14.13.36. Realizamos una búsqueda *blast* de dichas enzimas en el transcriptoma de *I. paraguariensis* partiendo de las correspondientes ortólogas de *Arabidopsis thaliana*. A partir de dicho *blast* seleccionamos un *hit* de *Ilex* para cada enzima según su largo, identidad (Id) y E-value. Luego con cada uno de estos *hits*, se realizó una búsqueda *blast* contra enzimas curadas de la base de datos Uniprot: PAL, Id: 63.1 contra P26600; 4CL, Id: 82.1 contra O24146; CYP73A, Id: 92.2 contra Q43054; HCT, Id: 85.3 contra Q8GSM7; CYP98A, Id: 78.1 contra O48922. Finalmente, realizamos un análisis comparativo entre las secuencias de aminoácidos, obteniendo una aproximación de las relaciones evolutivas con especies modelo, no emparentadas. En el presente trabajo mostramos por primera vez la vía completa del CGA en *Ilex paraguariensis* y la estructura de las enzimas involucradas.

## GGM 5

**EFFECTO DE LA HIBRIDACIÓN EN LA ORGANIZACIÓN DE LOS GENOMAS EN HÍBRIDOS DEL GÉNERO *Arachis***

Paredes E.N.<sup>1,2</sup>, A. García<sup>1,2</sup>, V.G. Solis Neffa<sup>1,2</sup>, G.A. Robledo Dobladez<sup>1,2</sup>, <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE.  
E-mail: esnaparedes@gmail.com

La hibridación es uno de los procesos más comunes en la evolución genómica de plantas superiores, y uno de los que tiene efectos inmediatos sobre la organización de los genomas. Sin embargo, la magnitud de estos cambios aún permanece poco estudiada. En este trabajo a fin de evaluar el grado de diferenciación genómica que ocurre en respuesta a la hibridación, se analizaron los cambios en los perfiles de AFLP de 4 híbridos intergenómicos (2 híbridos *A. duranensis* [genoma A] x *A. ipaënsis* [genoma B] más 2 híbridos recíprocos) y 4 híbridos intragenómicos (2 híbridos *A. williamsii* [genoma B] x *A. ipaënsis* [genoma B] más 2 híbridos recíprocos) en relación a sus parentales diploides. Los resultados demostraron que durante los procesos de hibridación la pérdida de *loci* de los parentales fue mayor que la ganancia de nuevos *loci*. El porcentaje de los *loci* perdidos varió entre los híbridos. En los cruzamientos intragenómicos hubo una mayor pérdida de *loci* del progenitor masculino, mientras que en los intergenómicos hay una mayor pérdida de *loci* del progenitor femenino. Muchos de los *loci* perdidos de un progenitor se compartieron entre los híbridos de un mismo cruzamiento, y en menor número entre los de cruzamientos recíprocos. Por el contrario, la proporción de *loci* ganados fue similar entre híbridos intra- e intergenómicos, y por lo general estos *loci* no fueron compartidos entre los híbridos de un mismo cruzamiento, ni entre híbridos de cruzamientos recíprocos. Así, la hibridación tendría un efecto selectivo en la pérdida de *loci* de los parentales, mientras que la ganancia es al azar.

## GGM 6

**CAMBIOS EN LA REGULACIÓN POR PEQUEÑOS ARNS (SRNAS) ASOCIADOS A LA ALOPOLIPLOIDIZACIÓN EN PAPA**

Cara N.<sup>1</sup>, D. Zavallo<sup>2</sup>, C.F. Marfil<sup>1</sup>, S. Asurmendi<sup>2</sup>, R.W. Masuelli<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, U.N.Cuyo, Mendoza. CONICET; <sup>2</sup>Instituto de Biotecnología, Centro de Investigaciones en Ciencias Veterinarias y Agronómicas CICVyA-INTA.  
E-mail: ncara@fca.uncu.edu.ar

Las variaciones fenotípicas causadas por la hibridación y la poliploidización poseen el potencial de mejorar la productividad y la eficiencia agrícola. La papa cultivada cuenta con más de 200 especies silvestres emparentadas (*Solanum* sección *Petota*), que podrían ser útiles para el mejoramiento genético. En estos programas históricamente se ha tenido en cuenta sólo la introducción de genes de interés de especies silvestres a la cultivada, pero el efecto que pudiera producir la hibridación interespecífica y posterior duplicación cromosómica en la regulación del genoma ha sido desestimado. Se sabe que la reunión de dos genomas divergentes en un núcleo común alopoliploide induce cambios epigenéticos como la acumulación de RNAs pequeños (sRNAs). El objetivo general del trabajo es evaluar los efectos que tiene la alopoliploidización sobre el fenotipo, la organización y expresión del genoma en papa. Para eso, se obtuvieron líneas alotetraploides duplicando el genoma de un híbrido diploide *S. tuberosum* x *S. kurtzianum* por tratamiento *in vitro* con colchicina. Se analizaron los perfiles de acumulación de sRNAs comparativos entre el híbrido diploide y líneas alotetraploides mediante sRNA-seq. Se encontraron sRNAs, cuya secuencia target se encontraba en el cuerpo y/o región promotora de secuencias codificantes, y que mostraron una acumulación diferencial entre el diploide y el tetraploide. De estos genes, se eligieron aquellos con funciones probables relacionadas principalmente con fotosíntesis, respiración y modificaciones epigenéticas y se cuantificó su nivel de expresión por qPCR.

## GGM 7

## VARIABILIDAD EPIGENÉTICA Y PLASTICIDAD FENOTÍPICA EN *Solanum kurtzianum* EN JARDINES EXPERIMENTALES

Ibañez V.N.<sup>1</sup>, R.W. Masuelli<sup>1</sup>, C.F. Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. E-mail: veronicoibanez@gmail.com

Las especies silvestres de papa tienen una extensa distribución geográfica y una amplia variabilidad fenotípica, aunque poco se sabe sobre los mecanismos que operan en las respuestas a las fluctuaciones ambientales. Se sugiere que mecanismos epigenéticos participarían en la generación de variabilidad fenotípica posibilitando la aclimatación y adaptación de las plantas a diversos retos ambientales. Se cultivaron durante tres años clones de la especie silvestre de papa *Solanum kurtzianum* dentro de la Reserva Natural Villavicencio, Mendoza, en dos jardines experimentales (JE) ubicados a 1.200 y 2.200 m s.n.m., diferencia en altitud que genera variaciones significativas en los niveles de radiación, temperatura y humedad. Se observaron diferencias significativas en el fenotipo entre plantas cultivadas en los diferentes JE y entre los años de cultivo. Con la técnica MSAP (*Methylation Sensitive Amplification Polymorphism*) se distinguieron patrones de metilación diferenciales entre clones en función al JE y al año en que fueron cultivados. Se encontró correlación significativa entre variabilidad fenotípica y epigenética ( $r=0,28$ ;  $p=0,013$ ). A través de trasplantes recíprocos entre JE, se encontró que en cada año los clones presentaron patrones de metilación característicos del jardín en el cual fueron cultivados, demostrando la reversibilidad de las marcas epigenéticas establecidas en años anteriores. Estos resultados indican la importancia de la variación epigenética en la plasticidad fenotípica y la aclimatación de esta especie.

## GGM 8

## DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES MEDIANTE GBS-DDRAD EN SORGO DE ALEPO

Ulrich N.<sup>1</sup>, A. Gutiérrez<sup>2,3</sup>, N. Aguirre<sup>1,2</sup>, C. Filippi<sup>1,2</sup>, E. Hopp<sup>1</sup>, D. Tosto<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; <sup>3</sup>Laboratorio de Investigaciones Botánicas, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; <sup>4</sup>FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Argentina. E-mail: tosto.daniela@inta.gob.ar

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. Con el objetivo de contribuir con el desarrollo de herramientas moleculares específicas para sorgo de alepo, se realizó un ensayo de genotipificación por secuenciación (GBS) basado en la restricción con dos enzimas (GBS-ddRAD). Se secuenciaron fragmentos *paired-end* de 450-550 pb de dos genotipos, resistente (R) y susceptible (S) a glifosato, en un equipo Miseq (Illumina). Se utilizó el *software* Bowtie 2 para mapear las *reads* obtenidas contra el genoma de referencia disponible de *Sorghum bicolor* (uno de los genomas diploides que dio origen al *Sorghum halepense* que es tetraploide). El 69,53% de las *reads* del genotipo S y el 70,36% de las *reads* del genotipo R mapearon al menos una vez contra la referencia. Para la búsqueda de los SNPs se utilizó el módulo "ref\_map" del *software* Stacks. El análisis de las secuencias permitió encontrar 14886 SNPs en 6604 regiones polimórficas secuenciadas en ambos genotipos (a razón de 2,25 SNPs por región). Los marcadores polimórficos detectados se encuentran distribuidos en los 10 cromosomas de *S. bicolor*. Las herramientas moleculares generadas podrán ser utilizadas tanto en análisis poblacionales como para realizar estudios que permitan establecer los posibles mecanismos involucrados en conferir la resistencia.

## GGM 9

### UTILIZACIÓN DE GBS-DDRAD PARA EL DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES DE *Stetsonia coryne* (Cactaceae)

Gutiérrez A.<sup>1,2</sup>, C. Acuña<sup>3</sup>, N. Aguirre<sup>2,3</sup>, C.V. Filippi<sup>2,3</sup>, A. Puebla<sup>3</sup>, S.D. Tosto<sup>2,3</sup>, P. Ortega Baes<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Investigaciones Botánicas, Universidad Nacional de Salta; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; <sup>3</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar.  
E-mail: angelaagutierrez@gmail.com

El Noroeste argentino es el centro de diversidad más importante de la familia Cactaceae en el país. Muchas de estas especies enfrentan amenazas que podrían estar afectando la variabilidad genética de sus poblaciones. El estudio de la estructura poblacional de las especies de esta familia es incipiente debido, principalmente, a que existen pocos marcadores moleculares diseñados que permitan estudiar su variabilidad. Con el objetivo de buscar marcadores moleculares específicos para estudiar la variabilidad genética de la cactácea columnar *Stetsonia coryne*, se realizó un ensayo de genotipificación por secuenciación basado en restricción con dos enzimas (GBS-ddRADseq) *SphI/MBaI*. Se secuenciaron fragmentos de 450–550 pb de dos individuos geográficamente distantes en un equipo Miseq (Illumina), con lecturas *paired-end*. El análisis de las secuencias, utilizando la función “*De novo*” del *software* Stacks, permitió encontrar 5933 SNPs en 4519 regiones secuenciadas en las dos muestras. Con el programa MISA se buscaron microsatélites en los fragmentos secuenciados y se encontraron un total de 3052 SSR putativos. El análisis *in silico* de las dos muestras analizadas, reveló 22 *loci* polimórficos, para los cuales con el programa Primer3 se diseñaron los *primers* correspondientes. Estos marcadores serán una herramienta fundamental para encarar estudios de diversidad genética y estructura poblacional de *S. coryne*, que permitirán la creación y delimitación de áreas de conservación para ésta y otras cactáceas del país.

## GGM 10

### IDENTIFICACIÓN DE *LOCI* MICROSATÉLITES A PARTIR DEL TRANSCRIPTOMA DE *Calophyllum brasiliense* (Calophyllaceae)

Roulet M.E.<sup>1</sup>, C.B. Percuoco<sup>1,2</sup>, L.N. Talavera Stéfani<sup>1</sup>, A.M. Mina<sup>1</sup>, S.L. Litwiński<sup>1</sup>, C.A. Rojas<sup>3</sup>, M.M. Miretti<sup>1</sup>, C.F. Argüelles<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética Aplicada (GIGA), Instituto de Biología Subtropical FCEQyN-IBS Nodo Posadas UNaM-CONICET, Argentina; <sup>2</sup>Cátedra de Genética Molecular, Departamento de Genética, FCEQyN, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; <sup>3</sup>Universidade Federal da Integração Latinoamericana (UNILA), Foz do Iguaçu, SC, Brasil.  
E-mail: giga@fceqyn.unam.edu.ar

*Calophyllum brasiliense* es un árbol perennifolio que se distribuye desde el Sur de México hasta el Noreste de Argentina. Las poblaciones descritas en Argentina, localizadas en las provincias de Corrientes y Misiones, se encuentran fragmentadas por acción antrópica. Las caracterizaciones genéticas disponibles fueron realizadas mediante marcadores moleculares dominantes. No obstante, se requiere el uso de marcadores con alto valor informativo para contribuir a la conservación de estas poblaciones. En el presente trabajo, utilizando *Msatcommander*, se identificaron y caracterizaron *loci* microsatélites en *C. brasiliense* a partir del primer transcriptoma recientemente disponible para esta especie. Se optimizaron criterios de búsqueda para la identificación de los SSRs entre ellos: el motivo de repetición (di/tri/tetranucleotídico), el número mínimo de repeticiones (8/7/6 respectivamente) usando como referencia las unidades de repetición publicadas para *C. inophyllum*. Se escogieron aquellos SSRs que demostraron algún nivel de polimorfismo (2 a 4 alelos) en el transcriptoma de *C. brasiliense*, identificándolos mediante el *software* BioEdit y, utilizando Primer3 se diseñaron cebadores para la amplificación de 30 *loci* microsatélites. Los cebadores fueron diseñados para generar amplicones en tres rangos de tamaños: 150–262, 300–466, 500–689 pb. En el presente trabajo se describen por primera vez cebadores que revelan marcadores co-dominantes específicos que facilitarán la evaluación de la estructura genética de las poblaciones de *C. brasiliense* a lo largo de toda su distribución.

## GGM 11

## DESARROLLO DE UN PROTOCOLO PARA LA DETECCIÓN MOLECULAR DE RELACIONES TRÓFICAS EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN HORTÍCOLA

Cagnotti C.<sup>1</sup>, S. López<sup>1</sup>, L. Peluffo<sup>2</sup>, M. Viscarret<sup>1</sup>, D. Tosto<sup>2,3,4</sup>.  
<sup>1</sup>IMyZA, CICVyA-INTA Castelar Buenos Aires, Argentina;  
<sup>2</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar Buenos Aires, Argentina;  
<sup>3</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina;  
<sup>4</sup>FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Argentina.  
 E-mail: cagnotti.cynthia@inta.gob.ar

Con el fin de estudiar las interacciones en la red trófica en dos sistemas hortícolas se desarrolló un protocolo mediante la utilización de herramientas moleculares. La mosca blanca *Trialeurodes vaporariorum* y el pulgón *Myzus persicae* son plagas clave de hortalizas. El predador *Tupiocoris cucurbitaceus* y el parasitoide *Encarsia formosa* se encuentran asociados a moscas blancas, en tanto el predador *Chrysoperla externa* y el parasitoide *Aphidius colemani* son enemigos naturales de pulgones. El objetivo del trabajo fue desarrollar un protocolo de identificación molecular especie-específica para estudiar las relaciones tróficas entre las especies mencionadas. Cien hembras de *T. cucurbitaceus* (en inanición por 24 h) fueron alimentadas con ninfas de moscas blancas durante 3 h. Las hembras se fijaron a distintos tiempos de finalizada la alimentación. Por otra parte, ninfas de moscas blancas fueron expuestas a *E. formosa* durante 24 h. En los siguientes 12 días, 300 ninfas expuestas se fijaron diariamente para estimar el tiempo a partir del cual se puede detectar el parasitismo. En el segundo sistema se fijaron larvas de crisopas alimentadas con pulgones y se fijaron pulgones parasitados por *A. colemani*. Se secuenció una región de la COI en las distintas especies a partir de individuos en inanición. Se compararon las secuencias y se identificaron variantes distintivas de cada especie. En base a estas se diseñaron dos sets de *primers* especie-específicos y adecuados para realizar la detección simultánea de la presa, el predador y el parasitoide en ambos sistemas.

## GGM 12

## AISLAMIENTO DE GENOTIPO PATÓGENO DE *Acanthamoeba* DEL RÍO VAQUEROS, SALTA, ARGENTINA

Sanguino Jorquera D.G.<sup>1,2</sup>, H.R. Poma<sup>1</sup>, V. Irazusta<sup>1,2</sup>, V.B. Rajal<sup>1,3</sup>, M.M. Juárez<sup>1,3,4</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratorio de Aguas y Suelos, Instituto de Investigaciones para la Industria Química (INIQUI), CCT Salta, CONICET-Universidad Nacional de Salta;  
<sup>2</sup>Facultad de Ciencias Naturales, UNSa;  
<sup>3</sup>Facultad de Ingeniería, UNSa;  
<sup>4</sup>Facultad de Ciencias de la Salud, UNSa.  
 E-mail: diegosj93@gmail.com

*Acanthamoeba* es un género de ameba de vida libre cosmopolita y de gran importancia, ya que algunos de sus genotipos pueden causar lesiones cutáneas, queratitis o encefalitis. El agua cumple un rol importante como diseminador y nicho ecológico. El objetivo del trabajo fue la identificación genotípica y el análisis filogenético de cepas de *Acanthamoeba* aisladas de agua del río Vaqueros, Salta, Argentina. Los aislamientos fueron realizados de muestras de agua (20 l) colectadas en estación seca y húmeda; posteriormente concentradas por ultrafiltración. Alícuotas de cada concentrado fueron sembradas en placas de agar no nutritivo e incubadas a 30° C durante 15 días con observación regular en microscopio óptico para aislamiento de colonias de amebas. La determinación del género y del genotipo de los aislados se logró empleando PCR convencional para amplificación del gen que codifica la región 18S del ARNr, ASA.S1 y luego secuenciación con la técnica de Sanger. De un total de 29 aislados, sólo nueve resultaron positivos para el género *Acanthamoeba* y todos pertenecieron al genotipo T4, subgrupo A. El análisis filogenético de las cepas de *Acanthamoeba* aportó información muy útil, revelando diferencias puntuales que originaron dos grupos estrechamente relacionados. Los antecedentes bibliográficos muestran que el genotipo T4 es el de mayor frecuencia de aislamientos en muestras ambientales, siendo productor de queratitis y encefalitis, por lo que representa un riesgo para la salud pública.



## GGM 13

### EVALUACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS MEDIANTE ANÁLISIS *IN SILICO* PARA DETERMINAR ESPECIES DEL ORDEN PLAGIORCHIIDA (Trematoda: Digenea)

Saravia J.D.<sup>1</sup>, D.A. Davies<sup>1</sup>, H.A. Cristóbal<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto para el Estudio de la Biodiversidad de Invertebrados, Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones para la Industria Química-CONICET, UNSa; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Naturales, UNSa.  
E-mail: joseds069@gmail.com

El orden Plagiorchiida es un grupo complejo dentro de los trematodes, en el que muchas veces la morfología es insuficiente para la determinación de especies. Las técnicas moleculares mejoran las posibilidades de discriminación entre especies; actualmente se emplean marcadores genéticos para, entre otras aplicaciones, distinguir entre especies crípticas o realizar estudios filogenéticos. El objetivo del trabajo fue evaluar cebadores, publicados y diseñados para el operón ribosomal (ADNr) y citocromo oxidasa subunidad 1 (COI) que permiten la determinación de géneros y especies del orden Plagiorchiida. Se utilizaron herramientas bioinformáticas, como Primer-Blast y DNA-MAN, para analizar 5 juegos de cebadores para COI y 7 juegos para ADNr obtenidos de bibliografía y se diseñaron cebadores para ambos marcadores a partir de un múltiple alineamiento de secuencias publicadas en la base de datos del NCBI. Los resultados *in silico* muestran que los sistemas que amplificaron productos de mayor tamaño (2792 pb) fueron BD1F y JS2R para ADNr con la detección de 49 especies y el sistema PJ2COIF y 10030R para COI (2149 pb) que identifica 10 especies. Los sistemas JB10F y JB9R que amplifican 304 pb para ADNr detectan 79 especies de interés; por otro lado, el set JB3F y JB4.5R amplifica 444 pb para COI identificando 15 especies. Los sistemas más prometedores para determinar especies de interés fueron BD1F-JS2R y PJ2COIF-10030R. La presente evaluación bioinformática de marcadores genéticos establece las bases para un posterior análisis filogenético en parásitos del orden Plagiorchiida.

## GGM 14

### CARACTERIZACIÓN DEL GEN TYR EN LLAMAS (*Lama glama*)

Fernández E.<sup>1</sup>, M. Anello<sup>1</sup>, M. Silbestro<sup>1</sup>, L. Vidal Rioja<sup>1</sup>, F. Di Rocco<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE)-CIC-CONICET-UNLP.  
E-mail: fdirocco@imbice.gov.ar

La llama es una especie productora de fibra que presenta una gran diversidad de colores y patrones. Además del diámetro y del largo, el color de la fibra es uno de los principales determinantes de su valor comercial. Hasta el momento, sólo se ha descrito la secuencia y variación de unos pocos genes relacionados al color de capa en esta especie. Uno de los principales reguladores de la melanogénesis es el gen TYR, que codifica la enzima tirosinasa, esencial para la síntesis de las melaninas. El objetivo de este trabajo fue caracterizar este gen y describir las variantes alélicas existentes en llamas. Para ello, se tomaron muestras de sangre de 18 animales no relacionados y se extrajo el ADN genómico. Se diseñaron 5 pares de *primers* sobre el genoma de alpaca (GCA\_000164845.2), disponible en *Genome Browser*, y se amplificaron por PCR los exones del gen con sus correspondientes regiones flanqueantes. Los amplificados fueron corroborados por electroforesis en geles de agarosa al 1,5% y secuenciados. Las secuencias obtenidas fueron alineadas y analizadas con el programa Genious 6.1.8. El gen TYR de llama consta de 1593 pb organizados en 5 exones que codifican una proteína de 530 aminoácidos. Se observaron 12 SNPs en la región codificante, 8 sinónimos y 4 no sinónimos. En las regiones no codificantes adyacentes a los exones, se encontraron 7 polimorfismos: 4 SNPs, 2 microsatélites y un homopolímero de longitud variable. La relación de estos polimorfismos con la variación de color deberá evaluarse en futuros estudios de asociación genotipo-fenotipo.



COMUNICACIONES LIBRES



# MEJORAMIENTO VEGETAL



## MV 1

## EFFECTO DE LA SEQUÍA EN LA HEREDABILIDAD DE CARACTERES CUANTITATIVOS DE *Thinopyrum ponticum*

Maciel M.<sup>1,2</sup>, K. Grunberg<sup>3</sup>, A. Andrés<sup>2,4</sup>. <sup>1</sup>CIT NOBA CONICET; <sup>2</sup>UNNOBA; <sup>3</sup>IFRGV CIAP INTA; <sup>4</sup>EEA INTA Pergamino.  
E-mail: lola\_maciel@hotmail.com

*Thinopyrum ponticum* es una especie forrajera reconocida por su gran adaptación a ambientes con restricciones edafo-climáticas, como la salinidad y sequía. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto de la sequía en la heredabilidad de caracteres cuantitativos en 12 Familias de Medio-Hermanos (FMH). El ensayo se realizó en cámara de cría bajo condiciones controladas de fotoperiodo (10/14 hs de luz/oscuridad) y temperatura (20 °C ± 1). Se aplicaron dos tratamientos (TRAT): control (C) (capacidad a campo-CC) y sequía (S) (20–25% de CC) bajo un DBCA con 3 repeticiones. La Unidad Experimental fue la maceta con 10 plantas (1 arena: 1 tierra). A los 44 días de suspendido el riego (74 días desde la siembra), cuando las macetas sometidas a sequía alcanzaron el % de CC deseado, se evaluó altura (ALT) (cm), n° macollos (NM), n° hojas (NH), peso fresco y seco aéreo (PFA y PSA) (g). Se aplicó ANOVA a 2 criterios de clasificación mediante INFOSTAT/P. Se estimaron los componentes de variancia y la  $h^2$  en base a la media familiar para cada variable y TRAT. El ANOVA reveló interacción FMH\*TRAT significativa ( $p < 0,05$ ) para todas las variables evaluadas, excepto para NM. Si bien la sequía provocó una importante reducción del crecimiento en todas las FMH, algunas experimentaron mayor reducción que otras. Los valores de  $h^2$  variaron según la variable y el TRAT (ALT: C=0,41, S=0,61; NM: C=0,71, S=0,63; NH: C=0,46, S=0,67; PFA: C=0,28, S=0,25; PSA: C=0,32, S=0,43). Se observa que una importante proporción de la variancia fenotípica de las FMH estuvo explicada por el componente genético aditivo.

## MV 2

## CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE NUEVE POBLACIONES DE FESTUCA ALTA COLECTADAS EN EL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Palacios N.S.<sup>1</sup>, A.N. Andres<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CIC-UNNOBA; <sup>2</sup>UNNOBA-INTA.  
E-mail: natalia\_spalacios@hotmail.com

A partir de la definición del nicho ecológico de festuca alta se realizó la colecta de nueve poblaciones en el noroeste de la provincia de Buenos Aires. Las mismas, se caracterizaron morfológicamente mediante un ensayo dispuesto en la EEA INTA Pergamino, en un suelo argiudol típico, bajo un diseño en bloques completamente aleatorizado con tres repeticiones. Cada población estuvo representada por 90 genotipos dispuestos en forma de planta espaciada. Las variables evaluadas fueron altura de planta vegetativa (AltV), peso seco vegetativo (PsecV), número de macollos vegetativos (NmacV), altura de planta reproductiva (AltR), número de macollos reproductivos (NmacR), largo de hoja bandera (Lhb), largo de panoja (Lp), número de ramificaciones por panoja (Nram) y peso total de semillas (Psem). A partir del análisis de la variancia (ANOVA) se estimaron los componentes de la variancia genética (Vg), fenotípica (Vf) y la heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) o GDG para cada carácter. El ANOVA detectó diferencias significativas entre y dentro de poblaciones para todos los caracteres. Las heredabilidades en sentido amplio fueron mayores para las variables Nram (0,78), Lp (0,74), AltR (0,71), Lhb (0,67) y AltV (0,63) que para las variables Psem (0,56), NmacR (0,53), PsecV (0,5) y NmacV (0,45). Estos resultados evidencian una elevada variabilidad genética en el germoplasma recolectado. Las mismas poblaciones están siendo caracterizadas molecularmente para aportar información complementaria al programa de mejoramiento genético de la especie.

## MV 3

### HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS ENTRE *Paspalum plicatulum* Y *P. glauscescens*

Lutz S.A.<sup>1</sup>, P.E. Novo<sup>1</sup>, C.L. Quarín<sup>1</sup>, F. Espinoza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina.  
E-mail: patriciaenovo@gmail.com

*Paspalum glauscescens* es una especie forrajera silvestre sudamericana, multiploide perteneciente al grupo Plicatula. El objetivo fue conocer la posibilidad de transferir genes de esta especie a *P. plicatulum*. Se realizaron cruzamientos entre un genotipo autotetraploide sexual de *P. plicatulum* (P4xS) con un citotipo tetraploide silvestre de *P. glauscescens* (G4x). Se analizó la meiosis, el modo reproductivo, y la fertilidad del padre G4x y de los híbridos logrados. El modo reproductivo se determinó observando el tipo de sacos embrionarios en los óvulos y el contenido relativo de ADN entre embrión y endospermo de cariopses maduros. En la meiosis de G4x se observaron básicamente bivalentes (II) y cuadrivalentes (IV), similar a lo observado en el autotetraploide inducido P4xS. Del mismo modo, los cromosomas de los híbridos se asociaron principalmente como II y algunos IV, evidenciando el origen autoploide de G4x, y la homología entre los genomas de ambas especies. El contenido relativo de ADN entre embrión y endospermo, además del análisis embriológico, revelaron que el citotipo 4x de *P. glauscescens* es apomítico, carácter que segregó entre los híbridos logrados: 6 sexuales y 4 apomíticos. Los híbridos produjeron porcentajes variables de semillas. Las asociaciones IV observadas en los híbridos y la fertilidad de los mismos permiten suponer que es posible la transferencia génica mediante hibridaciones en un programa de mejoramiento de estas forrajeras. La transmisión del carácter apomixis a la descendencia permitiría utilizar esta característica en dicho programa.

## MV 4

### DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN UNA POBLACION DE AGROPIRO ALARGADO (*Thinopyrum ponticum*) A TRAVÉS DE MICROSATÉLITES

Acuña M.L.<sup>1,2</sup>, M.A. Maciel<sup>2,3</sup>, V.N. Decker<sup>1,2</sup>, S.M. Pistorale<sup>2,4</sup>, K. Grunberg<sup>5</sup>, A.N. Andrés<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Pergamino; <sup>2</sup>Universidad Nacional Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA); <sup>3</sup>CONICET CIT-NOBA; <sup>4</sup>Universidad Nacional de Luján (UNLu); <sup>5</sup>IFVRG-INTA, CONICET.  
E-mail: acuna.mariela@inta.gov.ar

Los estudios de diversidad genética (DG) son importantes para dar inicio a un programa de mejoramiento, como también para la conservación y uso sustentable de germoplasma nativo o naturalizado. El agropiro alargado es una especie decaploide ( $2n=10x=70$ ) alógama obligada, muy utilizada en sistemas ganaderos en bajos salinos. El objetivo fue determinar la DG, que para múltiples loci se calcula a partir de la suma de cuadrados de las frecuencias alélicas y es función de la heterocigosis. La población en estudio fue colectada en la cuenca del salado ( $37^{\circ} 40' 28,56''$  S;  $58^{\circ} 26' 44,95''$  O), se evaluaron 35 genotipos tomados al azar, a través de 33 microsatélites (SSR) transferidos de otras poáceas, se utilizaron los 10 SSR más informativos. Los análisis fueron a través de Infogen. Los resultados descriptivos de los SSR determinaron que el N° de alelos (A) por locus varió de 6 a 21, con un total de 107. El 100% de los loci fueron polimórficos, Nffa034 fue el más informativo (PIC=88,8% y N°A efectivos=9,385). La probabilidad acumulada promedio de obtener genotipos idénticos fue de  $1,25 \times 10^{-05}$  indicando que, mediante el uso combinado de estos 10 SSR se pueden discriminar todos los genotipos evaluados, con alto grado de certeza. La DG fue de 0,818 y la heterocigosidad observada promedio de 0,703. El análisis de conglomerados a través del método UPGMA y distancia de similitud de Dice (coef. cofenético=0,798), demostró que no hay agrupamiento entre los genotipos hasta el 75% de la distancia presentada. Estos datos concluyen que la población estudiada fue altamente variable a nivel molecular.

## MV 5

**TOLERANCIA A SALINIDAD EN ETAPAS VEGETATIVAS TEMPRANAS DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE *Lotus tenuis***

Affinito A.<sup>1,2</sup>, V. Decker<sup>2,3</sup>, A. Díaz Paleo<sup>2,3</sup>, A. Andrés<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>CIT NOBA, CONICET; <sup>2</sup>UNNOBA; <sup>3</sup>INTA EEA Pergamino.  
E-mail: affinito.agostina@inta.gob.ar

*Lotus tenuis* es una leguminosa forrajera considerada tolerante a salinidad, naturalizada en los suelos bajos de la Pampa Deprimida Argentina. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia a la salinidad en etapas vegetativas tempranas de 15 familias de medios hermanos (FMH) del programa de mejoramiento de la UI UNNOBA-INTA. Se realizó un estudio en hidroponía bajo un DBCA con 3 repeticiones y 3 tratamientos (TRAT): 0, 150 y 300 mM NaCl. A los 16 y 29 días desde inicio de los TRAT (DET) se evaluaron altura (A), número de ramificaciones (NR), Peso fresco aéreo (PFA), Peso seco aéreo (PSA) y radicular (PSR) y Peso seco total (PST). La tolerancia a la salinidad (TOL) para cada variable se calculó mediante la relación entre el valor de cada planta sometida a NaCl y la media del control. Se calculó la tasa de crecimiento (RGR) para PST a 29 DDT y su  $h^2$  en base a la media familiar. Se aplicaron modelos mixtos mediante INFOSTAT/R. Los resultados indicaron interacción significativa ( $p < 0,05$ ) entre FMH y DET para la TOL de todas las variables excepto PSR. También se encontró interacción significativa entre FMH y TRAT para NR, PFA y PSA *per se*, y diferencias significativas entre FMH para el resto de las variables. RGR evidenció una disminución al incrementarse la concentración salina, con menor caída en las FMH más tolerantes. La  $h^2$  fue intermedia/alta en todos los TRAT (0=0,48; 150=0,53; 300=0,53). A partir de estos resultados se seleccionaron FMH con comportamiento contrastante para evaluar la expresión transcripcional de genes asociados a la tolerancia a la salinidad.

## MV 6

**OBTENCIÓN Y EVALUACIÓN DE NUEVOS MATERIALES DE PASTO LLORÓN PARA SU UTILIZACIÓN EN PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO DE LA ESPECIE**

Terenti Romero C.M.<sup>1</sup>, D. Zappacosta<sup>2</sup>, A.F. Garayalde<sup>2,3</sup>, V. Echenique<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria San Luis, San Luis, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; <sup>3</sup>Depto. de Matemática, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina.  
E-mail: echeniq@criba.edu.ar

*Eragrostis curvula* (Schrad.) Nees “pasto llorón”, es una gramínea perenne que constituye un importante recurso forrajero para regiones semiáridas. Por su carácter apomíctico y la poca disponibilidad de materiales sexuales, el mejoramiento de esta forrajera se ha basado fundamentalmente en selección sobre poblaciones naturales. Con el objetivo de generar variabilidad aprovechable para el mejoramiento, se realizaron 15 cruzamientos entre los genotipos tetraploides OTA-S (PI, USDA) y Tanganyika (PI, USDA), siendo el primero sexual y el segundo apomíctico. De estas cruza sólo se obtuvo un 15,85% de plantas normales. Sólo seis de estas plantas resultaron de origen híbrido, de acuerdo a la selección realizada con marcadores AFLPs y EST-SSR. La distancia genética observada entre el progenitor femenino y el masculino pudo haber afectado la obtención de mayor cantidad de plantas híbridas. El resto de las plantas obtenidas provenían de autofecundación del progenitor femenino por efecto mentor del polen del material apomíctico. Esta última población de plantas originadas por autofecundación se analizó fenotípica y genotípicamente (AFLPs). Se observó variabilidad a nivel molecular y en caracteres morfológicos, pudiendo detectar algunas plantas que superaron al genotipo OTA-S en caracteres de interés agronómico. La caracterización de los materiales realizada permitió identificar algunas plantas con características promisorias para utilizarlas en programas de mejoramiento de la especie.

## MV 7

### FESTUCA ALTA: PRODUCCIÓN DE BIOMASA Y DETERMINACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN POBLACIONES NATURALIZADAS

di Santo H.<sup>1</sup>, T. Palermo<sup>1</sup>, D. Vega<sup>2</sup>, A. Ferreira<sup>1</sup>, E. Castillo<sup>1</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; <sup>2</sup>Becaria CONICET.  
E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) es una especie forrajera alohexaploide ( $2n=6x=42$ ), perenne, de reproducción alógama. Se cultiva por su alta producción forrajera ocupando un lugar significativo en los sistemas de pastoreo. A partir de 10 poblaciones naturalizadas en la zona central subhúmeda semiárida de Argentina, se comenzó un programa de mejoramiento de festuca alta en la orientación de Genética, FAV, UN de Río Cuarto. Las poblaciones se implantaron en un ensayo con DBCA y 4 repeticiones. En el año 2015 se midió altura, diámetro de corona, número de macollos y producción de biomasa por planta en tres cortes. A fin del ciclo se midió producción de semilla y cantidad de panojas por planta. Los caracteres se analizaron mediante ANVA, ANCOVA y test de diferencia de medias. Con los resultados de los ANVA se estimaron los coeficientes de varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), ambiental ( $\sigma^2_A$ ), fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) y la heredabilidad en sentido amplio (HSA). Los caracteres mostraron diferencias significativas entre poblaciones. Las poblaciones 3243-645 y 3255-623 resultaron superiores en más de dos caracteres. La HSA de los caracteres varió entre 0,30 y 0,85; la mayoría de ellos presentó HSA media a alta. La altura, el diámetro, el número de macollos y los caracteres reproductivos fueron los de mayor HSA. La biomasa seca presentó valores de HSA que variaron entre 0,30 a 0,50 en diferentes cortes. Al comparar poblaciones en biomasa seca, 3302-LAG tuvo la mayor HSA. Los altos valores observados permiten continuar la mejora seleccionando genotipos superiores dentro de cada población.

## MV 8

### SELECCIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES DE *Festuca arundinacea* SCHREBER

Vega D.<sup>2</sup>, H. di Santo<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1</sup>, E. Castillo<sup>1</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; <sup>2</sup>Becaria CONICET.  
E-mail: jvega@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta, gramínea forrajera alohexaploide ( $2n=6x=42$ ), se emplea en sistemas de pastoreo por su alta productividad y rusticidad. Durante 2010 y 2011 se colectaron plantas adultas naturalizadas en la zona central subhúmeda semiárida de Argentina. Diez poblaciones se implantaron en un ensayo de campo con DBCA y cuatro repeticiones. Los caracteres medidos durante 2014, 2015 y 2016 fueron: altura de planta, diámetro de corona, número de macollos, producción de biomasa en tres cortes, rendimiento en semilla y cantidad de panojas por planta a fin de ciclo. Los ANVA realizados para cada año mostraron diferencias fenotípicas significativas entre poblaciones. La heredabilidad en sentido amplio estimada fue media a alta (0,3 a 0,8) para todos los caracteres, lo que indica la existencia de variación genética. Para seleccionar genotipos superiores, se analizaron las plantas individuales independientemente de la población de origen mediante ANVA, prueba DGC para diferencia de medias y gráficos biplot genotipo x ambiente para identificar los genotipos de mayor estabilidad. Se encontró interacción genotipo x ambiente para producción de biomasa y producción de semilla/planta. Los valores medios fueron 59,58 g de biomasa acumulada/planta (rango de variación: 2,22 - 414,10 g/planta) y 1,06 g de semilla/planta (rango de variación: 0 - 19,07 g/planta). Se identificaron 21 genotipos superiores pertenecientes a 8 poblaciones diferentes. La semilla cosechada de cada genotipo fue utilizada para formar un ensayo de familias de medios hermanos y continuar con el plan de mejora.



MV 9

## CLASIFICACIÓN DE LÍNEAS F8 DE TRICEPIRO POR DIFERENTES APTITUDES DE USO

Grossi Vanacore F.<sup>1</sup>, H. di Santo<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1</sup>, D. Vega<sup>2</sup>, E. Castillo<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1</sup>, A. Vicente<sup>1</sup>, A. Beccari<sup>1</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; <sup>2</sup>Becaria CONICET.

E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

El tricepiro es un cereal obtenido a través de cruzamientos entre triticale (*Triticum* L. x *Secale* L.) y trigopiro (*Triticum* L. x *Thinopyrum* A. Löve). La conjunción de diferentes genomios admite numerosas combinaciones genéticas que permiten la selección de líneas con características agronómicas como rusticidad, sanidad y productividad. En la UN Río Cuarto se desarrolla germoplasma con aptitud forrajera y granífera. La diferenciación por distintas aptitudes de uso de 167 líneas F<sub>8</sub> provenientes de 27 cruzamientos, se efectuó mediante ensayo sembrado el 17 de junio de 2016 en Río Cuarto, Córdoba con Diseño Aumentado y dos testigos repetidos 8 veces para ajustar los valores de cada línea. La unidad experimental consistió en una parcela de 7 surcos de 5 m de longitud (7 m<sup>2</sup>). Los caracteres considerados fueron: altura de planta (m), n° macollos/planta, biomasa seca en estadio hoja bandera y fin de ciclo (g m<sup>-2</sup>), % macollos fértiles, n° granos/espiga, rendimiento de grano (g m<sup>-2</sup>), índice de cosecha y peso de mil granos (g). Los valores medios ajustados del ensayo para biomasa seca y peso de grano fueron de 1128,7 ± 224,1 g m<sup>-2</sup> y 299,1 ± 101,4 g m<sup>-2</sup>, respectivamente. Las líneas se clasificaron según su aptitud forrajera y granífera mediante dos índices de posición. Esto permitió identificar 56 líneas con aptitud forrajera (biomasa seca 1337,4 ± 235,6 g m<sup>-2</sup>) y 56 líneas con aptitud granífera (peso de grano 400,8 ± 62,6 g m<sup>-2</sup>), entre ellas 34 líneas se clasificaron como doble propósito.

MV 10

## MARCADORES MOLECULARES PARA LA SELECCIÓN POR TOLERANCIA A FRÍO EN *Digitaria eriantha*

Stritzler M.<sup>1</sup>, E.M. Pagano<sup>1</sup>, M. Roba<sup>2</sup>, H. Petruzzi<sup>3</sup>, N. Stritzler<sup>3</sup>, N. Ayub<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, CICVyA, INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto Ingeniería Rural, CIA, INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA Anguil, La Pampa, Argentina.

E-mail: pagano.elbamaría@inta.gob.ar

*Digitaria eriantha* Steud., también conocida como pasto Pangola o digitaria, es una forrajera de alta calidad originaria de Sudáfrica. En las últimas décadas, la utilización de este tipo de especies ha aumentado progresivamente en todas las regiones forrajeras subtropicales del mundo, evidenciando la necesidad de aplicar técnicas que aporten al mejoramiento de la tolerancia a frío. Sin embargo, en muchas de estas especies no se dispone de información sobre la diversidad genética y, los programas de mejoramiento siguen siendo muy limitados. En este trabajo, se estudió la diversidad genética de una colección de digitaria. Se ajustó la metodología y se analizaron 32 materiales mediante la aplicación de 11 marcadores polimórficos SSR por electroforesis capilar. Estos marcadores moleculares permitieron detectar un total de 40 alelos. El número de alelos por locus varió entre 1 y 8, y los valores de contenido de información polimórfica variaron de 0,13 a 0,33. Aunque es una especie adaptada a ambientes subtropicales, el análisis de diversidad genética mostró que se pudo clasificar en grupos asociadas con diferentes niveles de tolerancia a frío. Las accesiones sensibles a heladas aportaron el 89% de los alelos, apoyando el origen subtropical de la especie. Finalmente, estos resultados mostraron que la variabilidad genética de la colección estudiada, tiene potencial para la obtención de cultivares adaptados a diferentes condiciones ambientales.

## MV 11

## IDENTIFICACIÓN DE RESISTENCIA INDUCIBLE A ÁFIDOS EN CEBADAS PRE-COMERCIALES

Caridad A.<sup>1,2</sup>, L. Saldúa<sup>1,2</sup>, A.M. Castro<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Centro de Investigaciones en Sanidad Vegetal (CISaV), FACAyF, UNLP; <sup>2</sup>Genética, FACAyF, UNLP; <sup>3</sup>CONICET, CCT La Plata.  
E-mail: lcsaldua@gmail.com

Las plantas tienen capacidad de adaptarse a estreses mediante la expresión de genes implicados en mecanismos de defensa constitutivos o inducibles. Su regulación involucra a las hormonas Ácido Jasmónico (AJ) y Ácido Salicílico (AS) que juegan un papel preponderante frente al ataque de insectos. El objetivo de este trabajo fue evaluar las defensas inducibles en genotipos de cebada pre-comerciales bajo el ataque de pulgón verde (*Schizaphis graminum*) a través de la inducción hormonal con AS y Metil Jasmonato (MeJA). Se emplearon 9 cebadas pre-comerciales del Criadero ACA, se utilizó una variedad de cebada tolerante (*La Plata Bordeba*) y una susceptible (*1109*). Los tratamientos fueron: control, infestadas, asperjadas con AJ y AS, con y sin pulgón. Cuando el cv. susceptible presentó 50% de clorosis se evaluó: contenido de clorofila (CC), Peso Seco (PS), Altura (A), Actividad peroxidasa (AP). El CC no permitió detectar diferencias en la tolerancia. Los PS, A y AP, permitieron distinguir a los cvs. tolerantes bajo el tratamiento con AS. El cultivar 3 resultó tolerante inducido con AS, y se comportó como susceptible con AJ. Sólo los cvs. 8 y 11 presentaron tolerancia cuando fueron inducidos con ambas hormonas. En este sentido, bajo las condiciones ensayadas, el cultivar 3 presentó una relación antagónica entre AS y AJ y hubo una sinergia en los cultivares 8 y 11. La selección de genotipos mediante la inducción de defensas es una herramienta que permite identificar aquellos más adecuados para el control de plagas y enfermedades requeridos en los sistemas de producción agroecológica.

## MV 12

## VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN LA GERMINACIÓN DE CULTIVARES DE CEBADA (*Hordeum vulgare* L.)

Alberti J.<sup>1</sup>, G.A. Eyherabide<sup>1</sup>, J. Luquez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNM del Plata.  
E-mail: albertijessuss@gmail.com

La elevada superficie con suelos salinos en Argentina constituye un grave problema para la agricultura. Para mejorar la productividad de estos suelos, una buena aproximación la constituye el desarrollo de cultivares tolerantes a la salinidad (TS). Entre los cereales, la cebada es relativamente tolerante a altas concentraciones de NaCl (entre 4 y 18 dSm<sup>-1</sup>), pero aún así la salinidad es un factor restrictivo para la producción. Para conocer la variabilidad de la TS en el estado de germinación de cinco cultivares de cebada difundidos en Argentina, se midieron el índice de velocidad de germinación (IVG), la longitud del epicótilo y la radícula (LE y LR) y los pesos fresco y seco (PF y PS) en semillas sometidas a 0, 120, y 160 mM NaCl y 160 mM NaCl+CaCl<sub>2</sub>, en un ensayo con un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. Para todas las variables hubo diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) entre los tratamientos, registrándose una disminución de los valores al aumentar la concentración salina, sólo para PF no hubo diferencias entre cultivares, mientras que hubo interacción significativa tratamiento por cultivar para IVG. Bajo condiciones salinas, el cultivar Explorer se destacó por sus elevados LE y LR, en tanto que Scarlett, Jennifer y Traveller lo hicieron por su PS. Es necesario realizar evaluaciones en estado de plántulas y plantas adultas para corroborar si se mantienen los rankings hallados.

## MV 13

**DESARROLLO DE LÍNEAS PARENTALES DE MAÍZ BIOFORTIFICADO CON ALTA CONCENTRACIÓN DE LISINA EN GRANO**

Corcuera V.R.<sup>1,2,3</sup>, S. Giménez<sup>2</sup>, M.V. Kandus<sup>3</sup>, J.C. Salerno<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Com. Inv. Científicas Pcia. Bs. As., La Plata; <sup>2</sup>Fac. Cs. Agrarias, UNLZ, Llavallol; <sup>3</sup>Inst. de Genética E.A. Favret CICVyA INTA Castelar, Castelar.

E-mail: vrcorcuera@gmail.com

El contenido de lisina de los granos de maíz convencional es insuficiente para nutrición humana, cerdos y aves de corral. En 1991 se inició un programa de mejora genética tradicional para crear materiales con alto contenido de lisina en grano. Se crearon nuevas líneas parentales: a) aplicando el método de las retrocruzas para incorporar el gen recesivo *opaco-2* en híbridos convencionales o no convencionales; b) seleccionando entre y dentro de familias obtenidas mediante el método clásico de Schull a partir de cruza no convencionales entre materiales de alta lisina. Las nuevas líneas se multiplicaron en el campo experimental del IGEAF entre 2013 a 2016. También se multiplicaron dos líneas utilizadas como testigos: ZN6 (granos vítreos, INTA) y 1584-1 (*opaco-2*, Universidad de Illinois). De cada línea se elaboró harina de endosperma para determinar la concentración de lisina. El contenido de lisina varía en los nuevos materiales desde 2,8% (CIG46) hasta 6,4% (CIG40). La concentración del aminoácido en los testigos fue de 1,9% (ZN6) y 4,1% (1584-1). Los resultados demuestran que la incorporación de alelos no funcionales del gen *opaco-2* permitió desarrollar parentales cuyo contenido de lisina triplica al de otros materiales portadores de alelos normales. Los maíces biofortificados que sintetizan más lisina en el grano constituyen un ejemplo de la incorporación de un atributo de valor diferencial a los alimentos argentinos, que permitirá elaborar productos de alto valor agregado y solucionar problemas de desnutrición.

## MV 14

**EFFECTOS GENÉTICOS DETERMINANTES DE LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL EN MAÍZ**

Farace M.L.<sup>1,2</sup>, A. Peñas Ballesteros<sup>1</sup>, M. Alegre<sup>1,2</sup>, N.M. Percibaldi<sup>1,2</sup>, M.E. Ramos<sup>1</sup>, S. Incognito<sup>3</sup>, C. Lopez<sup>3</sup>, G.H. Eyhérbide<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>INTA, Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Argentina; <sup>3</sup>Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Argentina.

E-mail: marialujanfarace@gmail.com

La calidad de maíz destinado a la producción de bioetanol, está determinada por la estructura y composición del grano. El conocimiento de los parámetros de calidad y de los efectos genéticos que controlan cada carácter es básico para lograr avances en el mejoramiento genético. Los diseños dialélicos permiten estimar los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG), relacionada con los efectos aditivos y los desvíos de dominancia de los genes y la aptitud combinatoria específica (ACE), relacionada con la acción génica no aditiva. Se realizó un experimento dialélico Método II, modelo 1, entre 5 líneas de maíz (EEA INTA Pergamino) en Pergamino, Junín y Colón. Las variables en estudio fueron: relación de molienda (RM), peso hectolítrico (PH), rendimiento de etanol (ml/g) (RE) mediante NIRs, de grano (Kg/ha) (RG) y de etanol por hectárea (REH) (kg/ha). Los ANOVA no mostraron diferencias significativas para los caracteres estudiados en Colón y para RM en Junín. Dos de las 5 líneas resultaron de menor dureza endospermica con efectos de ACG bajos o negativos para PH, pero con ACG positivos y altos para RE y REH. Se identificaron 4 combinaciones con alta ACE que produjeron mayor REH, 2 de ellas coinciden con un mayor RE. Las líneas con mayor dureza endospermica mostraron los menores RE. Se pudo identificar mediante los efectos promedios de ACG y ACE la prevalencia de los efectos genéticos no aditivos en RE y RM y de tipo aditivo en RG y REH, indicando que es factible obtener progreso genético por selección en estos caracteres.

## MV 15

## HEREDABILIDAD Y HETEROSIS PARA RENDIMIENTO DE BIOETANOL EN HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ

Peñas Ballesteros A.<sup>1</sup>, M.L. Farace<sup>1,2</sup>, M. Alegre<sup>1,2</sup>, N.M. Percibaldi<sup>1,2</sup>, M.E. Ramos<sup>1</sup>, S. Incógnito<sup>3</sup>, C. Lopez<sup>3</sup>, G.H. Eyhéabide<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>INTA, Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Argentina; <sup>3</sup>Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Argentina.  
E-mail: andrepballesteros@gmail.com

El maíz puede ser utilizado como materia prima en la obtención de bioetanol. Para iniciar un programa de mejora es relevante conocer el comportamiento para el rendimiento de etanol por unidad de peso de grano (RE) de híbridos F1 en base al de sus líneas progenitoras y su heredabilidad ( $h^2$ ). Se evaluaron 5 líneas endocriadas desarrolladas por INTA Pergamino y sus híbridos simples a los cuales se les midió el rendimiento de etanol (ml/gr) mediante NIRs sobre muestras de grano obtenidas previa polinización controlada para evitar efecto de xenia. El experimento siguió un diseño de bloques completos aleatorizados, con 2 repeticiones en 3 ambientes, Pergamino (P), Junín (J) y Colón (C) en la campaña 2015/16. El análisis de varianza a través de localidades mostró diferencias significativas para la interacción genotipo×ambiente y genotipos. Se estimaron las  $h^2$  mediante una regresión padre-progenie por localidad y a través de localidades. La  $h^2$  a través de los ambientes fue de 0,53, mientras que fue de 0,71, 0,68 y 0,37 para P, J y C, respectivamente. Además se evaluaron los niveles de heterosis promedio (Het), encontrando un rango de 2,6–6,0%. Se encontró una asociación positiva entre la Het y el RE. El estudio de la Het permitió identificar híbridos que mostraron un mayor RE que sus progenitores en todos los ambientes. Los altos valores de  $h^2$  encontrados por localidad, comparados con la  $h^2$  intermedia a través de localidades, podrían estar sobreestimados al haber interacción genotipo×ambiente. Se pudo establecer que existiría variancia aditiva potencialmente disponible para el RE.

## MV 16

## VARIABILIDAD, ESTRUCTURA GENÉTICA Y DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO EN UN CONJUNTO DIVERSO DE LÍNEAS DE MAÍZ

Rossi E.<sup>1</sup>, M. Di Renzo<sup>1</sup>, N. Bonamico<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto.  
E-mail: ezequiel\_455@hotmail.com

Las colecciones de germoplasma son un valioso recurso para los estudios de mapeo por asociación, ya que permiten explorar los eventos de recombinación históricos y evolutivos. El objetivo del estudio fue analizar la variabilidad, la estructura genética y el desequilibrio de ligamiento (DL) en un conjunto diverso de líneas de maíz. Un conjunto constituido por 252 líneas de maíz, desarrolladas y provistas por el CIMMYT de México, fue caracterizado genéticamente con 2.530 marcadores de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP). La diversidad genética media observada fue 0,50 y el contenido de información polimórfica estimado fue 0,43. El modelo bayesiano implementado en el *software* STRUCTURE, permitió describir la estructura genética del conjunto de líneas de maíz. El estadístico  $\Delta k$  sugirió la existencia de cuatro sub-grupos. Mediante el *software* TASSEL, se estimó un valor de desequilibrio de ligamiento de 0,20 al considerar el conjunto total de líneas, el cual aumentó al analizar los cuatro sub-grupos identificados. El valor de DL fue mayor en marcadores SNP ligados físicamente, y alcanzó un valor menor a 0,10 a distancias de 300–500 kb. La rápida disminución del valor de DL indica que el ligamiento físico es la principal causa del desequilibrio. Por ello, este conjunto diverso de líneas de maíz resulta adecuado para identificar *loci* que regulan caracteres de interés agronómico mediante estudios de mapeo por asociación.

MV 17

## VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE UN CONJUNTO DIVERSO DE LÍNEAS DE MAÍZ POR SU REACCIÓN AL VIRUS DEL MAL DE RÍO CUARTO

Rossi E.<sup>1</sup>, M. Ruiz<sup>1</sup>, G. Bianconi<sup>1</sup>, M. Di Renzo<sup>1</sup>, N. Bonamico<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto.

E-mail: ezequiel\_455@hotmail.com

Las colecciones de germoplasma son un recurso valioso en mejoramiento genético vegetal. El germoplasma usado para estudios de mapeo por asociación debe tener la máxima variación fenotípica posible. El objetivo del trabajo fue explicar la variabilidad fenotípica presente en un conjunto diverso de líneas de maíz por su reacción al Virus del Mal de Río Cuarto (MRCV). La evaluación fenotípica de 252 líneas de maíz, desarrolladas y provistas por el CIMMYT de México, se realizó durante los ciclos agrícolas 2015/2016 y 2016/2017 en dos ambientes de la provincia de Córdoba en donde la virosis causada por el MRCV es endémica. Los caracteres fenotípicos relacionados con la reacción al MRCV medidos fueron altura de espiga y de planta, acortamiento de entrenudos, presencia de enaciones, rasgado, ancho y largo de la hoja bandera, características de la panoja y de la espiga. Además para cada línea se estimó la incidencia, la severidad y el índice de severidad de enfermedad. Los caracteres se analizaron mediante un enfoque estadístico multivariado como es el análisis de componentes principales. Las dos primeras componentes principales explicaron el 70% de la variación fenotípica observada en el conjunto diverso de líneas de maíz. El gráfico biplot permitió interpretar las relaciones entre genotipos, caracteres y entre genotipos y caracteres. Los resultados indican que el conjunto de líneas de maíz presenta variabilidad fenotípica, lo cual resulta de interés en estudios de mapeo por asociación para identificar *loci* ligados al carácter reacción al Virus del Mal de Río Cuarto.

MV 18

## ESTUDIO DE LA APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA PARA RENDIMIENTO DE GRANO EN 6 LINEAS DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Parrado J.D.<sup>1</sup>, F.H. Canteros<sup>1</sup>, R.D. Lorea<sup>2</sup>. <sup>1</sup>INTA, IIACS, CIAP;<sup>2</sup>INTA EEA Pergamino.

E-mail: parrado.jorge@inta.gob.ar

La estimación de parámetros genéticos ayuda en la toma de decisiones objetivas en los programas de mejoramiento genético. La aptitud combinatoria general y específica, se utiliza para identificar combinaciones híbridas entre líneas endogámicas con rendimientos mayores al promedio de sus progenitores. El objetivo del trabajo fue estimar la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE) de un grupo de líneas de maíz (*Zea mays* L.) para el carácter rendimiento de grano (REND). Seis líneas (L) de maíz fueron seleccionadas de los programas de mejoramiento de INTA Leales y Pergamino. Un diallelo de 15 híbridos F1 sin recíprocos fue generado de acuerdo al método 4 de Griffing. Los híbridos fueron sembrados en un DBCA con 3 repeticiones en el año 2015, los datos fueron analizados con el programa estadístico GENES. Los valores de cuadrado medio referidos a la ACG y ACE fueron significativos para REND, indicando la presencia de efectos aditivos y no aditivos en el control del carácter. Con relación a la ACG se observó que los genotipos L1 y L3 poseen elevados valores positivos de  $\hat{G}_i$  (613,33 y 776,83 respectivamente) indicando tendencia de aumento en la contribución génica para REND en los cruzamientos que participaron. Los genotipos L5 y L6 mostraron altos valores negativos (-797,78 y -724,4 respectivamente), contribuyendo así, para reducir REND en los cruzamientos que participan. El mayor valor de  $S_{ij}$  fue encontrado en la combinación "L3XL5" (1059.63) mostrándose esta combinación, como un híbrido promisorio.

MV 19

## EXPRESIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA TOLERANCIA A *Fusarium* spp. EN PLANTAS DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Napoli M.<sup>1</sup>, A.H. Díaz Paleo<sup>1,2</sup>, D.A. Presello<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Pergamino, Argentina.  
E-mail: napoli.matias@hotmail.com

*Fusarium verticillioides* es el principal causante de podredumbres de espiga en maíz. La acción del hongo comprende todas las etapas del desarrollo de planta y grano, y puede proliferar durante el almacenamiento. Un mapeo en una población biparental derivada de LP4637 (moderadamente resistente) × L4674 (susceptible) reveló la presencia de un QTL ubicado en el cromosoma 2 (*bin* 2.03) que explica aproximadamente 20% de la varianza fenotípica para severidad de síntomas, espesor de pericarpio y concentración de ácido trans-ferúlico en el pericarpio. En dicha región se encuentran los genes *pal6* y *pal2* que codifican fenilalanina amonio liasa. Esta cataliza los primeros pasos de síntesis de fenil propanoides que juegan un papel importante en la defensa a través de cambios en la composición de la pared celular del pericarpio. Se consideró que la expresión diferencial de estos genes podría explicar la variación fenotípica asociada al QTL. La información disponible en los modelos génicos basados en *B73 RefGen\_V3* ([www.maizgdb.org](http://www.maizgdb.org)) describe que *pal6* (locus GRMZM2G118345) *pal2* (locus GRMZM2G441347) codifican respectivamente para uno y dos transcritos PAL. Se evaluó la expresión diferencial de *pal2* y *pal6* a nivel de transcritos mediante RT-qPCR en plantas con y sin inoculación del patógeno en las líneas LP4637 y L4674. A su vez, se diseñaron *primers* usando el programa *Primer Blast* ([www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast)) para aumentar la densidad de SSR e INDELS en las regiones adyacentes a los genes candidatos, encontrando polimorfismo en las líneas contrastantes mencionadas.

MV 20

## EVALUACIÓN DE LA ESTABILIDAD DEL CITOPLASMA ANDROESTÉRIL C EN DOS LÍNEAS DE MAÍZ

Colombo N.<sup>1</sup>, D.A. Presello<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>EEA Pergamino INTA, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: colombo.noemi@inta.gob.ar

La adopción de citoplasmas androestériles (CMS) y genes restauradores de la fertilidad contribuye para la producción eficiente de semilla híbrida de maíz. Un requisito imprescindible para que los citoplasmas androestériles sean incorporados en la producción de híbridos es que su expresión sea estable en distintas condiciones ambientales. En el programa de mejoramiento de maíz de la EEA Pergamino del INTA se desarrollan líneas CMS portadoras del citoplasma C. El objetivo de este trabajo es determinar la estabilidad del citoplasma C en distintos ambientes. Se evaluaron 2 líneas avanzadas de maíz portadoras del citoplasma C a campo en Pergamino y Castelar, en dos años consecutivos. Se determinó el número de granos producido por autofecundación de las líneas CMS y se comparó con los controles obtenidos en cruza por las líneas mantenedoras para estimar el porcentaje de androesterilidad para cada línea CMS. Se observó una elevada expresión del citoplasma C en ambas líneas y en los cuatro ambientes. Los porcentajes de androesterilidad variaron de 94,3% a 99,9% dependiendo de la línea y el ambiente de evaluación. El análisis estadístico no detectó efectos de genotipo, año, localidad ni sus interacciones para este carácter en los distintos ambientes. Se concluye que las líneas evaluadas muestran un comportamiento estable del citoplasma C en los ambientes considerados.

## MV 21

**IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE TIPOS DE CITOPLASMA EN *Petunia***

Colombo N.<sup>1</sup>, J.C. Hagiwara<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Floricultura, CIRN, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: colombo.noemi@inta.gob.ar

La androesterilidad citoplásmica (CMS) es un carácter determinado por genes quiméricos mitocondriales que puede ser revertido por la acción de genes nucleares restauradores de la fertilidad (*Rf*), constituyendo un ejemplo de la interacción entre distintos genomas de las plantas. Los sistemas CMS/*Rf* son de utilidad en el mejoramiento vegetal para facilitar la realización de cruzamientos y para la eficiente producción de semilla híbrida. En el género *Petunia* sólo se conoce un citoplasma androestéril, codificado por el gen mitocondrial *pcf*, compuesto de secuencias derivadas de *atp9*, *coxII* y un ORF no identificado llamado *urf5*. Este citoplasma ha sido introgresado en distintos fondos genéticos del Plan de Mejoramiento de *Petunia* del Instituto de Floricultura del INTA. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un marcador molecular para la identificación del tipo de citoplasma en *Petunia*. Se diseñaron *primers* específicos para la región *urf5*, se optimizaron las condiciones de amplificación por PCR y se obtuvo el producto esperado de ~ 600 pb en las líneas androestériles y ningún producto en las fértiles. Se incorporó un segundo par de *primers* universales de ADN cloroplástico como control positivo, permitiendo así la identificación inequívoca de citoplasmas androestériles y normales en una PCR multiplex. Se caracterizó el tipo de citoplasma de diferentes genotipos del Programa de Mejoramiento con este marcador. Esta herramienta permite seguir la introgresión del citoplasma androestéril y determinar la pureza de la semilla híbrida.

## MV 22

**EVALUACIÓN DE LA APTITUD A LA GERMINACIÓN ANAERÓBICA EN GERMOPLASMA DE ARROZ (*Oryza sativa*)**

Colazo J.L.<sup>1</sup>, M.L. Fernandez<sup>1</sup>, R. Bezus<sup>1</sup>, A.B. Livore<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria-INTA Concepción del Uruguay.  
E-mail: fernandezmagali85@gmail.com

El gen *OsTPP7* codifica la enzima fosfatasa trehalosa-6-fosfato (T6P) involucrada en el metabolismo de azúcares en el endosperma de la semilla de arroz. La presencia de este gen en condiciones de anaerobiosis activaría el catabolismo de los azúcares permitiendo un impulso en el crecimiento del coleóptilo. Esta ventaja, proporcionaría una germinación uniforme y el establecimiento de un buen stand de plántulas bajo inundación. El objetivo del trabajo es evaluar la presencia del gen en líneas/variedades del programa de mejoramiento de arroz del INTA Concepción del Uruguay, variedades comerciales y su asociación al carácter largo de coleóptilo (LG). Se genotiparon 15 variedades/líneas usando el marcador molecular *DFR2/DFLB2* para observar la presencia/ausencia del gen. Dichas líneas se fenotiparon mediante la medición del carácter LG usando un ensayo completamente aleatorizado en cámara de cría. Se evaluaron 45 semillas de cada genotipo, germinadas en oscuridad a 26,5 °C bajo 8 centímetros de agua. Las mediciones se realizaron 4 días posteriores a la germinación. Las diferencias significativas entre los diferentes genotipos se evaluaron usando un análisis de la varianza ANAVA (LSD Fisher,  $p=0,05$ ) mediante el programa estadístico InfoStat. El genotipado arrojó la presencia del gen en 14 de los materiales evaluados. La variedad con ausencia del gen fue usada como testigo susceptible. Los genotipos con el gen presentaron diferencias significativas en el carácter LG en comparación con el testigo susceptible. Su presencia, favorecería la aptitud a la germinación en anaerobiosis.

## MV 23

### CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE UNA POBLACIÓN DE TRIGO PAN MUTAGENIZADA CON RAYOS UV

Rodríguez Vener J.I.<sup>1</sup>, N.E. Mirabella<sup>1</sup>, A.C. Pontaroli<sup>1,2</sup>, M. Lorenzo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMDP - EEA Balcarce INTA), Balcarce, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Argentina. E-mail: josedso69@gmail.com

El trigo es uno de los cultivos más importantes de Argentina. Uno de los requisitos para su mejoramiento es la existencia de variabilidad genética. En trigo, la domesticación y selección artificial pueden haber fijado ciertos caracteres, para los que existiría variabilidad limitada. Esto podría sortearse mediante mutagénesis inducida. En este trabajo se caracterizó la variabilidad fenotípica para caracteres de interés en líneas M5 obtenidas por exposición a radiación UV del cv. Remus, y se identificaron líneas diferentes a Remus, de potencial uso en el mejoramiento. El experimento se realizó en macetas individuales bajo un DCA en invernáculo con condiciones controladas de temperatura (24 °C) y fotoperíodo (16 h), sin deficiencias hídricas ni nutricionales. Se determinaron variables fenológicas, altura y caracteres asociados al rendimiento. El tratamiento con radiación UV aumentó la variabilidad fenotípica entre un 30 y 45% para las líneas mutagenizadas con respecto al testigo, en el peso de mil granos, número de espiguillas por espiga, macollos fértiles por planta (MFP) y altura ( $p < 0,05$ ). Además se identificaron líneas cuya media fue diferente a Remus en altura, MFP, fertilidad de espiga, índice de cosecha, días a antesis y largo del ciclo ( $p < 0,05$ ). En particular se destacó la línea m.3.3, con mucha menor altura y mayor índice de cosecha, precocidad en la floración, duración del período de antesis a madurez fisiológica y peso de mil granos que Remus. En conclusión, se detectó variabilidad potencialmente utilizable en el mejoramiento del cultivo.

## MV 24

### EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE *Triticum aestivum* L.

Franco M.F.<sup>1,2</sup>, G.A. Lori<sup>3,4</sup>, M.P. Alonso<sup>1,2</sup>, J.S. Panelo<sup>1,4</sup>, N.E. Mirabella<sup>1</sup>, I. Malbrán<sup>2,3</sup>, G. Cendoya<sup>1</sup>, A.C. Pontaroli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMDP y EEA INTA Balcarce); <sup>2</sup>CONICET; <sup>3</sup>Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata; <sup>4</sup>Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) de la Provincia de Buenos Aires. E-mail: fiorella.franco@hotmail.com

La Fusariosis de la espiga de trigo (FET) es una de las enfermedades fúngicas más importantes entre las que afectan a este cultivo. En Argentina, el principal agente causal es *Fusarium graminearum* Schwabe. El empleo de cultivares resistentes es la estrategia de control más adecuada. Las escasas fuentes de resistencia identificadas a la fecha son mayormente de origen asiático. Por ello, sería deseable detectar regiones genómicas asociadas al carácter en germoplasma adaptado localmente. En este trabajo se caracterizó la resistencia a la FET en una población biparental de 126 RILs derivada del cruzamiento entre Baguette 10 y Klein Chajá. Con el objeto de evaluar el avance del hongo en la espiga se realizaron dos ensayos a campo bajo un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. La enfermedad fue inducida mediante inoculación puntual. El 56,1 % de las espigas inoculadas mostró síntomas de FET. La severidad varió entre líneas ( $p < 0,01$ ), de 2 a 64%. También se observó variación entre líneas para el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), de 9,6 a 395 unidades ( $p < 0,01$ ). Los cultivares parentales mostraron valores intermedios para ambas variables, en tanto que las distribuciones de frecuencia en las RILs fueron acampanadas y simétricas, con variación transgresiva. Así mismo, la FET produjo una reducción promedio de 27,5% en el peso de mil granos con respecto a los controles. Estos resultados son promisorios para comenzar la identificación de regiones genómicas asociadas a la resistencia a FET en el germoplasma local.



MV 25

## HERENCIA DEL CONTENIDO DE CARBOHIDRATOS SOLUBLES EN TALLOS DE TRIGO POST ANTESIS EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL

Sainz T.<sup>1</sup>, M. Lorenzo<sup>1</sup>, M.P. Alonso<sup>1,2</sup>, G. Maciel<sup>1</sup>, M.B. Abadía<sup>1</sup>, R.E. Bartosik<sup>1,2</sup>, A.C. Pontaroli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP - EEA Balcarce, INTA); <sup>2</sup>CONICET.  
E-mail: pontaroli.ana@inta.gob.ar

El peso por grano, uno de los componentes del rendimiento en trigo, se define principalmente durante el período posterior a la antesis y hasta la madurez fisiológica. Si el cultivo sufriera un estrés en ese período, las reservas de hidratos de carbono solubles (HCS) presentes en el tallo podrían suplir una eventual disminución en la actividad fotosintética generando rendimientos más cercanos a los posibles de obtener en ausencia de estrés. Para que el contenido de HCS en tallos alrededor de antesis pueda ser considerado en el mejoramiento genético sería deseable conocer su herencia, y ajustar un método de determinación sencillo y aplicable a gran escala. Para ello se determinó el carácter en 146 líneas endocriadas recombinantes derivadas del cruzamiento entre Baguette 10 y Klein Chajá, con amplia variabilidad en rendimiento y sus componentes. Se realizaron experimentos de campo durante dos ciclos agrícolas en Balcarce. Siete días después de antesis se tomaron muestras de tallos, se secaron y molieron. El contenido de HCS fue determinado en 111 muestras por el método del fenol-ácido sulfúrico y por espectroscopía de infrarrojo cercano. Se obtuvo un modelo de calibración ( $R^2=0,78$ ) con el que se estimó el contenido de HCS en las muestras restantes. La distribución de frecuencia del contenido de HCS en la población fue acampanada y simétrica, con variación transgresiva. A su vez, la heredabilidad en sentido estricto fue 0,45. Estos resultados sugieren que el carácter está controlado por varios genes con moderada influencia ambiental.

MV 26

## INDUCCIÓN DE LA TOLERANCIA A *Fusarium graminearum* EN DOS GENOTIPOS DE TRIGO

Perello L.<sup>1</sup>, M. Yannicari<sup>2</sup>, M. Del Arciprete<sup>1</sup>, M.E. Vicente<sup>3,4</sup>, I. Malbrán<sup>2,5</sup>, G. Lori<sup>3,5</sup>, D. Giménez<sup>6</sup>, A.M. Castro<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Genética, Fac. Cs. Agrarias y Ftale., UNLP; <sup>2</sup>CONICET, CCT-La Plata; <sup>3</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Prov. de Bs. As.; <sup>4</sup>CISaV. Fac. Cs. Agrarias y Ftale., UNLP; <sup>5</sup>CIDEFI, Fac. Cs. Agrarias y Ftale., UNLP; <sup>6</sup>INFIVE, La Plata, Argentina.  
E-mail: castro.am@gmail.com

En trigo existen escasas fuentes de resistencia a *Fusarium graminearum* (Fg), por ello se evaluó la tolerancia de dos cultivares (o líneas) analizando si se activan defensas inducibles mediante la aplicación de hormonas vegetales. El cultivar ACA 315 y la línea experimental M se probaron en las localidades de La Plata y Tres Arroyos, con un diseño factorial completo. En antesis se asperjaron las espigas: con agua (Control, C) o Ácido Giberélico (G) o Ácido Jasmónico (J). Se inoculó la mitad de las espigas asperjadas, con una cepa pura de Fg (C-Fg, G-Fg, J-Fg) después de 48 hs. Las espigas no inoculadas constituyeron los restantes tratamientos: C, G, J. A la madurez se analizó el número de granos totales (GT), granos enfermos (GE) y el PMG, evaluando el efecto de: localidad, genotipo, tratamientos y sus interacciones. El tratamiento G-Fg aumentó el total de granos en ambos trigos en comparación al C, J y J-Fg. La línea M presentó una mayor cantidad de granos totales, excepto en los tratamientos J y J-Fg. En el caso de ACA 315 no hubo diferencias significativas entre tratamientos. La línea M no presentó diferencias entre C, J y J-Fg. Los PMGs no mostraron diferencias entre tratamientos en ACA 315 excepto entre las plantas J y J-Fg. Sin embargo los PMGs en la línea M fueron significativamente mayores en Tres Arroyos. Plantas tratadas con G-Fg, presentaron el máximo PMG estadísticamente distinto. Los materiales ensayados mostraron defensas inducibles que otorgan tolerancia a *F. graminearum* en ambas localidades, pudiendo ser usadas como fuentes de resistencia al patógeno.

MV 27

## EFECTO DE LA ADMINISTRACION ORAL DE ARN INTERFERENTE AL COLEOPTERO PLAGA DEL ALGODÓN *Anthonomus grandis* BOHEMAN

Niz J.<sup>1</sup>, P. Nakaya<sup>1</sup>, E. Hopp<sup>2</sup>, R. Salvador<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVYA), INTA; <sup>2</sup>Instituto de Biotecnología, Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVYA). INTA.  
E-mail: salvador.ricardo@inta.gob.ar

El picudo del algodnero (*Anthonomus grandis* Boheman) es una de las principales plagas del algodón. Las etapas iniciales de crecimiento ocurren dentro del botón floral, lo cual dificulta la acción de los insecticidas de síntesis. Entre las nuevas estrategias de control se destaca el silenciamiento génico o ARN interferente (ARNi), que cumple funciones regulatorias durante la expresión génica post-transcripcional. En insectos, la ingestión ARN doble cadena (ARNdc) con secuencia homóloga a un gen blanco, induce la degradación específica del ARN mensajero correspondiente, evitando su traducción. Estudios previos demuestran que ARNdc sintetizado en plantas logra un control efectivo de aquellas plagas herbívoras que las ingieren. Con el objetivo de evaluar una estrategia de control mediante el uso de ARNi, se obtuvieron construcciones genéticas para la síntesis de ARNdc a partir de genes de *A. grandis*. En bioensayos utilizando larvas y adultos del picudo del algodnero se evaluó el efecto de la administración oral de ARNdc sintetizado en bacterias o en plantas que lo expresan en forma transitoria. Los resultados obtenidos demuestran que es posible modular la expresión génica en *A. grandis* mediante la ingestión de ARNi y afectar significativamente su viabilidad.

MV 28

## ESTRUCTURA POBLACIONAL Y ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN DE GIRASOL

Gonzalez F.L.<sup>1</sup>, M. Bulos<sup>1</sup>, L. Borras<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biotecnología, NIDERA S.A.; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, IICAR.  
E-mail: federico.gonzalez@unr.edu.ar

El tiempo a floración (TAF) en girasol (*Helianthus annuus* L.) está determinado por el genotipo y su ambiente. El adecuado estudio del factor genotípico involucra el análisis de germoplasma que resume la diversidad genética disponible. El objetivo de nuestro trabajo fue caracterizar la diversidad genética y estructura poblacional de una población de 173 materiales de diferentes orígenes geográficos. Esta población fue generada para posteriores estudios de mapeo por asociación de caracteres fenológicos relacionados con TAF, y sus genotipos seleccionados en base a su capacidad de representar un amplio rango en los caracteres a estudiar. Fueron analizados 35 marcadores moleculares del tipo SSR distribuidos de manera homogénea en los 17 cromosomas utilizando una plataforma LiCOR 4300. Para los 35 loci SSRs analizados se observó un total de 215 alelos, con un rango de 2 a 13, y un promedio de 6 alelos por locus. El contenido de información polimórfica promedio de los marcadores (PIC) fue  $0,55 \pm 0,16$  y la heterocigosidad esperada (He)  $0,60 \pm 0,03$ . Según un análisis discriminante de componentes principales (DAPC) el número de grupos con menor valor de BIC fue de tres, y el AMOVA mostró que solo el 2% ( $p < 0,001$ ) de la varianza genética fue capturada por la diferencia entre grupos definidos en el DAPC. En base a lo observado concluimos que la población presenta valores de diversidad genotípica adecuados, que permitirán realizar ensayos de caracterización fenotípica relacionados con TAF exitosos bajo un análisis de mapeo por asociación.

MV 29

## EFFECTO DEL AMBIENTE SOBRE EL TAMAÑO ÓPTIMO DE PARCELA PARA MEDIR LA INCIDENCIA DE PODREDUMBRE BLANCA DE CAPÍTULOS DE GIRASOL EN BALCARCE

Dinon A.<sup>1</sup>, S. Delgado<sup>1</sup>, D. Sequeira<sup>1</sup>, F. Castaño<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, Balcarce, Buenos Aires.  
E-mail: anabella005@yahoo.com.ar

El objetivo fue valorar la influencia ambiental sobre la elección del tamaño más adecuado de parcela para valorar la Incidencia (INC) de Podredumbre blanca del capítulo en girasol. Se realizó en Balcarce y durante dos años, un ensayo de uniformidad con los híbridos Cauquén-CQ y ACA885-A85, de performance diferente. Durante el primer año se delimitaron 165 parcelas mínimas de 1,4 m<sup>2</sup> (2 m de longitud x 0,7 m de ancho), con unas 7 plantas, para cada híbrido; en el segundo año fueron 150. A los 35 días de la inoculación asistida con una suspensión de 2.500 ascosporas/ml de agua, se midió la INC (en %) en cada parcela. Se combinaron las parcelas mínimas adyacentes en arreglos de 2,8 a 12,6 m<sup>2</sup>. Se estimó la media, desvío estándar y coeficiente de variación-CV, para cada uno de los 9 tamaños. El ANOVA combinado detectó efectos ( $p < 0,01$ ) de híbridos-H, años-A y HxA, aunque no de tamaño-T ni de HxT y de HxAxT. Se graficó la distribución de los CV, por año, en función del área de parcela en cada híbrido. Todos los CV decrecieron al considerar superficies mayores. Para el año 1, el punto de inflexión detectado coincidió con el tramo de la curva correspondiente al tamaño de 4,2 m<sup>2</sup> para CQ y A85. En el segundo año, en cambio, el óptimo resultó de 2,8 m<sup>2</sup> en ambos híbridos. El ambiente alteró, por tanto, el área de la parcela más conveniente para medir INC en CQ y A85. El año 2 propició más la enfermedad lo cual se tradujo, respecto del primer año, en un promedio de INC más alto ( $\geq 89\%$ ) y desvíos estándar más bajos, en las 9 superficies de parcelas valoradas. Esto habría influido en los tamaños diferentes señalados.

MV 30

## COMPORTAMIENTO DE GENOTIPOS DE *Arachis hypogaea* FRENTE A VIRUELA DEL MANÍ

Rosso M.<sup>1</sup>, G. Bianconi<sup>2</sup>, S. Soave<sup>1</sup>, C. Oddino<sup>1,2</sup>, N. Bonamico<sup>2</sup>.  
<sup>1</sup>Criadero El Carmen, Córdoba; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto.  
E-mail: melirosso\_22@hotmail.com

La viruela del maní es la principal enfermedad foliar del cultivo en los países productores y la herramienta de manejo más utilizada es el control químico. El uso de resistencia genética para controlar enfermedades en cultivos extensivos es la estrategia más sustentable. El objetivo de este trabajo fue describir el comportamiento de una colección de genotipos de *Arachis hypogaea* frente a viruela del maní. La colección constituida por 202 genotipos del “Criadero El Carmen” se evaluó en la zona de General Cabrera, Córdoba, durante el ciclo agrícola 2015/2016. Los caracteres medidos fueron folíolos totales (FT), folíolos desprendidos (FD), folíolos manchados (FM), número de nudos (NN) y de frutos en 200 gramos (NF). Para cada genotipo de la colección se estimó la incidencia (INC) o porcentaje de folíolos enfermos y la severidad (SEV) o porcentaje de área foliar afectada. Un enfoque multivariado (análisis de componentes principales) se utilizó para describir la relación entre genotipos, caracteres y entre genotipos y caracteres. Las dos primeras componentes principales del gráfico biplot permitieron explicar el 70% de la variación. Correlaciones positivas se observaron entre FD, FM, NE, INC y SEV. Nueve genotipos presentaron valores inferiores a 60% de INC y 10% de SEV. Ocho genotipos mostraron valores de INC y SEV superiores a 60% y 25%, respectivamente. Si bien los resultados corresponden a un solo ambiente de evaluación, permitieron identificar genotipos promisorios que podrían ser utilizados para obtener variedades de maní con buen comportamiento frente a la enfermedad.

MV 31

### ANÁLISIS DIALÉLICO PARA CARACTERES DE PLANTA Y CALIDAD DE FRUTO EN TOMATE (*Solanum lycopersicum*)

Bueno R.A.<sup>1</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario; <sup>2</sup>Instituto de investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Santa Fe, Argentina.  
E-mail: grodrig@unr.edu.ar

Cinco cultivares de tomate (*Solanum lycopersicum*) se cruzaron siguiendo un diseño dialélico para estimar parámetros genéticos en caracteres de planta y calidad de fruto. Tres cultivares se obtuvieron en el programa de mejora de la FCA-UNR: Gema FCA, Querubín FCA y la línea experimental ToUNR17 y los otros dos fueron Red Purple y Zebra Green. Se evaluaron 216 plantas (5 cultivares + 20 híbridos + 2 híbridos testigos x 8 plantas cada uno) y 2.540 frutos. Los caracteres evaluados en planta fueron: perímetro basal (Pb), medio (Pm) y apical del tallo, longitud entre nudos (LE), número de racimos (R), flores por inflorescencia (NF); y en el fruto: forma, peso (P), L y a/b del color, dureza, vida poscosecha, número de lóculos, contenido en sólidos solubles (SS), pH y acidez titulable. Se compararon los valores medios de cada carácter por ANOVA y se determinó heterosis comparando cada híbrido con el mejor progenitor. Se estimaron Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE) y Efectos Recíprocos (ER) por el Modelo 1 de Griffing. Hubo diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) entre los genotipos para todos los caracteres. Teniendo en cuenta todos los híbridos y caracteres, sólo el 4% presentó heterosis. Todos los caracteres tuvieron ACG y ACE ( $p < 0,001$ ) con excepción de ACE para R ( $p > 0,05$ ). El ER fue significativo ( $p < 0,05$ ) para Pb, Pm, LE, R, NF, P, SS y pH. Se concluye que los cultivares difieren para los caracteres y los genes subyacentes, que la heterosis es la excepción en la combinación híbrida, y que la dirección del cruzamiento afecta la expresión de los caracteres en el híbrido.

MV 32

### ESTUDIO SOBRE DISTINTOS GENOTIPOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* spp. *andigena*) EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Contrera G.<sup>1</sup>, E. Cointry<sup>2</sup>, L.A. Picardi<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Mejoramiento Genético, Fac. Ciencias Agrarias, UNCa; <sup>2</sup>Cátedra de Mejoramiento y Producción de semillas; <sup>3</sup>Cátedra de Genética, CIUNR, Fac. Ciencias Agrarias, UNR.  
E-mail: gecontrera@hotmail.com

En Argentina se registran 18 especies nativas del grupo VIII Potato del género *Solanum*. Las subespecies *andigena* son cultivadas en Jujuy, Salta y Catamarca. Actualmente en los centros urbanos se comercializan bajo el nombre de papines, con un precio superior al de la papa común. Debido a esta nueva modalidad de comercialización, es interesante para la provincia de Catamarca garantizar la calidad y productividad de variedades ya conocidas, pero también lograr nuevos materiales a partir de posibles hibridaciones. En una primera etapa se recolectaron tubérculos de 10 variedades en el departamento Belén (1.800/3.000 m.s.n.m.) que se sembraron en un diseño en bloques, con 3 repeticiones, en los ambientes Las Piedras Blancas (depto. Ambato 1.700 m.s.n.m.) y La Calera (depto. Capital 1.300 m.s.n.m.). Se evaluó en cada tubérculo Peso (P, g), Largo (L, cm) y Ancho (A, cm) ( $n=300$  tubérculos). El ANOVA mostró diferencias altamente significativas entre los 10 genotipos dando la estimación de la heredabilidad (H) en sentido amplio:  $H(P)=0,96$ ;  $H(L)=0,98$  y  $H(A)=0,97$ . Un Análisis de Agrupamiento señaló distintos grupos para estas características fenotípicas y el Análisis de Componentes Principales (CP) mostró que las dos primeras componentes representan el 95,5% de la variación total explicada por estas variables. La CP1 explica el 58,4% y la CP2 37,1%. Se verificó que estas variables integran el primer *eigen value* con altos valores que explicarían la variación entre genotipos para estos caracteres. Esta información sería aprovechable para el programa de obtención de nuevos clones de papa andina.

MV 33

## INDUCCIÓN DE CALLOS ORGANOGÉNICOS Y REGENERACIÓN EN RESPUESTA A COMBINACIONES DE TDZ, 2,4-D, BAP, ANA Y GA3, EN TRES VARIEDADES DE PAPA ANDINA, SOLAN

Velásquez B.<sup>1</sup>, M.A. Aranda<sup>2</sup>, A.J. Andrade<sup>3</sup>, R.N. Curti<sup>4</sup>. <sup>1</sup>FCA, UNJu; <sup>2</sup>FCEQyN, UNaM; <sup>3</sup>INBIAL, UNJu; <sup>4</sup>CONICET-UNSa. E-mail: brtvelasquez@yahoo.com

Con el objetivo de encontrar las mejores combinaciones inductoras de callos en papa andina del noroeste argentino, explantos foliares de las variedades Santa María, Collareja y Azul procedentes de plántulas *in vitro* de cuatro semanas de edad, fueron sembrados en 12 tratamientos de medio basal Murashige and Skoog con diferentes combinaciones de 2,4-ácido diclorofenoxiacético 2,4D (1, 2, y 3 mg/L), Thidiazuron TDZ (0,05 y 0,5 mg/L), Benzilaminopurina BAP (1 y 2 mg/L) y Ácido giberélico GA3 (1 mg/L). Para la inducción de regeneración se evaluaron combinaciones de BAP (1, 2 y 3 mg/L) con Ácido Naftalen Acético (1 mg/L). Los resultados indicaron, para las tres variedades, a 2,4D como más eficaz que BAP para inducir callogenesis a las dos semanas. La combinación 3 mg/L de 2,4D+0,05 TDZ+ 1mg/L BAP+1mg/L GA3 fue el más eficiente para la producción de callos verdes y compactos en las tres variedades; mientras que 0,05 mg/L TDZ+1 mg/L BAP+1mg/L GA3 produjo callos blancos y semifriables en las tres variedades. La combinación 3 mg/L de BAP con 1 mg/L de ANA indujo un mayor porcentaje de explantes con brotes en los callos compactos y verdes. Ninguna combinación indujo regeneración a partir de los callos blancos y semifriables. Aunque el porcentaje con brotes no difirió significativamente entre variedades, los brotes de Collareja y Azul fueron verdes, mientras que Santa María presentó la mayor parte de brotes hiperhidratados y cloróticos.

MV 34

## ESTUDIO DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN GERMOPLASMA DE ZANAHORIAS MORADAS MEDIANTE ANÁLISIS CON MARCADORES MOLECULARES SSRs Y CONTENIDO DE ANTOCIANINAS

Bannoud F.<sup>1</sup>, S. Carvajal<sup>2</sup>, W. Simon Philip<sup>3</sup>, P. Cavagnaro<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; <sup>3</sup>USDA-Agricultural Research Service, Vegetable Crops Research Unit, and Department of Horticulture, University of Wisconsin-Madison, USA; <sup>4</sup>Instituto de Horticultura, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo; e Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) E.E.A. La Consulta, San Carlos, Mendoza, Argentina. E-mail: pablocavagnaro@hotmail.com

El consumo de frutas y hortalizas ricas en antocianinas está asociado a una menor incidencia de enfermedades cardiovasculares, estrés oxidativo, inflamación y algunos tipos de cánceres. Las zanahorias moradas representan una excelente fuente de antocianinas dietarias ya que pueden acumular altos contenidos de estos pigmentos. En este trabajo se caracterizó la variabilidad genética en zanahorias moradas de distintos orígenes geográficos, incluidos cultivares de polinización abierta (OP) e híbridos comerciales, mediante análisis de marcadores de secuencias simples repetitivas (SSR). Los materiales se fenotiparon según su pigmentación antocianica en distintos tejidos de raíz (floema y xilema) y hojas (peciolo y láminas), y se determinó el contenido de antocianinas (AT) y polifenoles totales (PT) en floema y xilema de raíz, mediante espectrofotometría. Resultados preliminares derivados del análisis por marcadores SSRs sugieren que existe importante variabilidad genética en el germoplasma evaluado, observándose una buena diferenciación de casi todos los materiales ensayados. El nivel de variabilidad intra-cultivar fue muy variable entre los distintos cultivares OP. Se encontró variabilidad significativa ( $p < 0,05$ ) para contenido de AT y PT entre los distintos cultivares y entre zanahorias de un mismo cultivar OP. Estos datos demuestran que existe abundante variabilidad, genética y fenotípica, en el germoplasma de zanahorias moradas, factible de ser aprovechada en programas de mejoramiento para incrementar el valor funcional de zanahorias.

MV 35

## ESTIMACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN SELECCIÓN GENÓMICA

Rueda Calderon A.<sup>1</sup>, C. Bruno<sup>1</sup>, M. Balzarini<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Estadística y Biometría, FCA, UNC, CONICET.  
E-mail: cebruno@agro.unc.edu.ar

En los ensayos multiambientales (*Multienvironment trials*, MET) donde se evalúan genotipos (G) en diferentes ambientes (A) es posible identificar fuentes de variación atribuibles a efectos de la interacción genotipo-ambiente ( $G \times A$ ). La información proveniente de marcadores moleculares ha permitido estudiar la asociación genotipo-fenotipo y avanzar hacia la selección genómica (SG). Sin embargo, aún existen desafíos metodológicos para incorporar el efecto de la interacción  $G \times A$  en los modelos de asociación genómica. En este trabajo se comparan dos estrategias de incorporación de la interacción  $G \times A$  en el modelo de SG, una trata al fenotipo en cada ambiente como un vector respuesta multivariado para estimar la correlación de los rankings de G entre A, y considera separadamente la correlación genética derivada de la matriz de datos moleculares. La segunda estrategia incorpora la correlación producto (kronecker) de los efectos ambientales y de relaciones genotípicas. Los resultados de ambos modelos fueron comparados con un modelo lineal mixto (MLM) para cada ambiente con efecto aleatorio de genotipo. Se ilustran los procedimientos a partir de una base de datos de trigo pública disponible en el paquete BGLR de R que contiene información molecular de 599 líneas de trigo y cuatro años de rendimiento, considerados como cuatro ambientes diferentes. Ambas estrategias para considerar  $G \times A$  produjeron resultados similares e identificaron con mayor precisión los marcadores de mayor contribución para la SG que el MLM por ambientes.

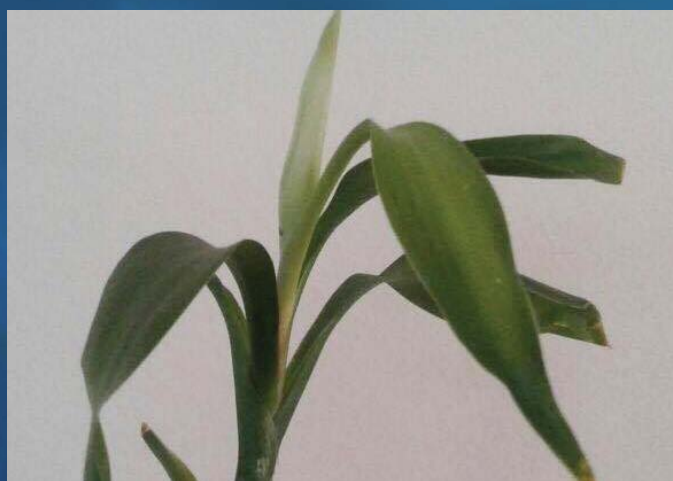
MV 36

## HERRAMIENTAS DE MAPEO ASOCIATIVO EN INFO-GEN

Peña Malavera A.<sup>1</sup>, C. Bruno<sup>1</sup>, L. Gutierrez<sup>2</sup>, M. Balzarini<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Estadística y Biometría, FCA, UNC, CONICET, Argentina;  
<sup>2</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.  
E-mail: mbalzari@agro.unc.edu.ar

Existen diversos modelos estadísticos para estudiar asociación fenotipo-genotipo (Modelos de Asociación, MA). Algunos incorporan información sobre estructura genética poblacional (EGP) con la finalidad de disminuir la tasa de falsos descubrimientos. El *software* para análisis de datos genéticos Info-Gen ha sido actualizado con la incorporación del menú para estimar MA. El ajuste de MA se realiza utilizando R como motor de cálculo en una interfaz amigable. Se pueden ajustar los siguientes MA: 1) Modelo *naive* (sin corrección por EGP); 2) Modelo P (incorpora información de EGP mediante una matriz P obtenida a partir de Análisis de Componentes Principales); 3) Modelo K (contempla EGP a partir de una matriz de parentesco, K); y 4) Modelo PK (combina P y K). Se puede modificar el nivel de significancia y seleccionar opciones de corrección por multiplicidad. Los modelos que incorporan P permiten determinar el número de componentes principales a usar según el estadístico de Tracy-Widom. La herramienta permite graficar la cantidad “ $-\log_{10}$  del valor-p” para cada marcador y trazar un valor umbral de significancia estadística. También se pueden graficar el plano de las primeras componentes principales, la proporción de varianza explicada por cada componente y una gráfica de las relaciones de parentesco en K. El *software* es libre y se encuentra disponible en <http://www.info-gen.com.ar/>.

COMUNICACIONES LIBRES



**MUTAGÉNESIS,  
CARCINOGÉNESIS  
Y TERATOGENÉNESIS  
AMBIENTAL**





## MCTA 1

## EVALUACIÓN DEL EFECTO GENTÓXICO EN CÉLULAS DE MUCOSA BUCAL EN TRABAJADORES RURALES DE LA PROVINCIA DE JUJUY EXPUESTOS A DIFERENTES AGROQUÍMICOS

Suárez Mendoza E.S.<sup>1</sup>, R. Julián<sup>1</sup>, G.E. Bianco Sadir<sup>1</sup>, P. Alcon<sup>1</sup>, M. Rivera Funes<sup>1</sup>, M. Leño<sup>1</sup>, F. Barrera<sup>1</sup>, M. Konicek<sup>1</sup>, M.L. Gilardoni<sup>1</sup>, M. Osorio<sup>1</sup>, J. De Luca<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy; <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Fernando Noel Dulout" (IGEVEV), Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, La Plata; <sup>3</sup>CONICET.  
E-mail: eva.rby@gmail.com

Durante el proceso de producción agrícola, los agroquímicos empleados y las modalidades de su utilización representan un riesgo tanto para la población rural expuesta a los mismos como para el ambiente. El objetivo del estudio consistió en evaluar el efecto genotóxico debido a la exposición a diferentes tipos de agroquímicos en poblaciones rurales de Fraile Pintado. Previo a la obtención de las muestras, se solicitó la firma de los consentimientos informados para llevar adelante este estudio y se distribuyeron encuestas que contenían preguntas acerca de: edad, sexo, hábito de fumar, consumo de alcohol, tiempo de exposición, agroquímicos utilizados, etc. Una vez procesadas, se obtuvieron 118 muestras de personas expuestas y 50 controles. Se analizó la frecuencia de micronúcleos en células de la mucosa bucal. La obtención de las muestras se hizo mediante raspado de mucosa bucal, posteriormente se colocaron en un tubo de centrifuga con solución fisiológica y fijador, finalmente se hicieron extendidos sobre portaobjetos. Para la tinción se utilizó Giemsa. Se procedió a la observación de 1.000 células por muestra. El análisis estadístico se realizó mediante la prueba de  $\chi^2$ . Los resultados obtenidos revelaron un aumento significativo en la frecuencia de micronúcleos en el grupo expuesto (5,83 vs. 1,91;  $p < 0,0001$ ). Indicando la necesidad de mejorar las condiciones laborales de los trabajadores rurales, una mayor información y acciones frente a la problemática.

## MCTA 2

## EFECTO DE LA CURCUMINA SOBRE LA ACTIVIDAD APOPTÓTICA Y GENOTÓXICA DEL CARBOPLATINO EN CÉLULAS HELA CULTIVADAS *IN VITRO*

Iribarne A.<sup>1,2</sup>, G. Padula<sup>1,2</sup>, N. Nikoloff<sup>3</sup>, M.V. Ponzinibbio<sup>1</sup>, R. Gambaro<sup>1</sup>, C. Golijow<sup>1</sup>, A. Seoane<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEVEV, FCV, UNLP-CONICET; <sup>2</sup>Facultad de Cs. Naturales y Museo, UNLP.  
E-mail: aseane@fcv.unlp.edu.ar

El cáncer cervical humano es el segundo más común entre las mujeres del mundo; uno de los agentes quimioterapéuticos utilizados en la actualidad para combatirlo es el Carboplatino, pero las lesiones recurrentes no responden adecuadamente a las modalidades frecuentes de tratamiento. Con el propósito de lograr una terapia más efectiva están siendo probados algunos agentes nutraceuticos como adyuvantes quimioterapéuticos con resultados promisorios. Uno de ellos es la Curcumina, un extracto polifenólico de la planta *Curcuma longa*. En el presente trabajo proponemos verificar el efecto de la Curcumina como modulador de la respuesta celular del agente quimioterapéutico Carboplatino en un modelo *in vitro* utilizando la línea celular HeLa, de cáncer cervical humano. Se emplearon el ensayo Cometa, MTT, Rojo Neutro y Citoma como diferentes modos de evaluar cito y genotoxicidad. Se llevaron a cabo 5 tratamientos: 1) Control Negativo; 2) Curcumina (15  $\mu$ M); 3) Carboplatino (150  $\mu$ g/mL); 4) Curcumina (15  $\mu$ M) y Carboplatino (150  $\mu$ g/mL); 5) Control Positivo (Bleomicina 1,0  $\mu$ g/mL o etanol 5%). Los resultados encontrados muestran que la adición de Curcumina 15  $\mu$ M junto con Carboplatino 150  $\mu$ g/mL mejora la actividad del compuesto platinado aumentando sus efectos sobre la muerte celular y el daño en el ADN. Nuestros resultados abren la posibilidad de explorar el uso de la Curcumina en los protocolos de terapia basada en Carboplatino para reducir las dosis utilizadas en el tratamiento de pacientes y, por lo tanto, disminuir los efectos colaterales sin reducir la actividad biológica.

## MCTA 3

### LA VÍA DE REPARACIÓN ALT-EJ GENERA REARREGLOS CROMOSÓMICOS EN CÉLULAS HUMANAS DEFICIENTES EN ATM Y DNA-PKCS TRATADAS CON ETOPÓSIDO

Palmitelli M.<sup>1</sup>, M. de Campos Nebel<sup>1</sup>, M. González Cid<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Mutagénesis, Instituto de Medicina Experimental, CONICET-Academia Nacional de Medicina, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

E-mail: margoncicid@hematologia.anm.edu.ar

La reparación incorrecta de las rupturas de doble cadena (RDC) por reunión de extremos alternativa (alt-EJ) genera rearrreglos cromosómicos, inestabilidad genómica y tumorigénesis. La droga antitumoral Etopósido (ETO) produce RDC persistentes y está asociada al desarrollo de neoplasias secundarias. Se evaluó el rol de alt-EJ en la generación de rearrreglos cromosómicos inducidos por ETO en células humanas deficientes en ATM y DNA-PKcs. Las células HeLa ATMkd y su control no-silenciante NS se trataron con ETO 2 µg/ml por 1-2 hs en presencia o no del inhibidor químico de DNA-PKcs NU7026 10 µM. Estos tratamientos provocaron que 84,6-90,7% de las células ATMkd y NS mostraran señal γH2AX (marcador de RDC) en la fase G2 a tiempo 0. A las 10 hs postratamiento (PT), mientras que el daño (focos γH2AX por inmunomarcación) en NS y ATMkd, tratadas con ETO y NS con NU7026-ETO fue de 39,3 ± 4%; 66,3 ± 3,6% y 60 ± 5,6%, respectivamente; ATMkd tratadas con NU7026-ETO exhibieron niveles altos (83,6 ± 2,4%). La reparación errónea de las RDC generó cromosomas dicéntricos a las 28 hs PT, siendo esa frecuencia en ATMkd tratadas con NU7026-ETO 2,3 veces mayor que en NS. A los 6 días PT, la inhibición de DNA-PKcs en ATMkd tratadas con ETO aumentó 18 veces los rearrreglos cromosómicos (fusiones teloméricas y cromatídicas y dicéntricos) en relación a NS. A su vez, la inhibición de alt-EJ suprimió la formación de rearrreglos en ambas líneas celulares. Estos resultados indican que en un contexto deficiente en ATM y DNA-PKcs, la vía de reparación alt-EJ genera rearrreglos persistentes frente a las RDC inducidas por ETO.

## MCTA 4

### EVALUACIÓN DEL POTENCIAL CITOGENOTÓXICO DEL ANTIPARASITARIO PIPERAZINA EN CÁNIDOS

Lentini V.R.<sup>1</sup>, R.T. Carracedo<sup>1</sup>, D.M. Ferré<sup>1,2</sup>, N.B.M.

Gorla<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza (UMaza), Mendoza; <sup>2</sup>CONICET.

E-mail: noragorla@gmail.com

La evaluación del potencial toxicológico de fármacos y asociaciones con situaciones no específicas con largos períodos de latencia en humanos, dificulta los estudios epidemiológicos por lo que los estudios en animales son ventajosos. Los cánidos responden a muchos tóxicos en forma análoga a la humana pero con una expresión temprana debido a su reducida vida fisiológica. El antiparasitario piperazina está indicado en humanos para *Ascaris lumbricoides* y *Enterobius vermicularis* y en animales para *Ascáridos* spp. Y *Oesophagostomun* spp. Se evaluaron los efectos cito y genotóxicos de una dosis terapéutica de piperazina Holliday® 69,23 mg/kg i.o en 6 caninos Schnauzer de 20 días de edad, y otra dosis, 19 días después del tratamiento en un diseño de muestras pareadas. Se analizaron muestras de epitelio bucal coloreadas con Giemsa según el ensayo de micronúcleos citoma bucal desarrollado para humanos. Se reportan células con núcleo irregular, no descriptas en humanos. La frecuencia de células micronucleadas antes del tratamiento fue 1,16 ± 0,30/1.000 células (media ± EEM), sin diferencias estadísticas después del antiparasitario; la frecuencia de células cariolíticas evidenció cambios estadísticamente significativos de 32,87 ± 8,92 a 63,33 ± 7,70/1.000 células antes y después del tratamiento respectivamente (p<0,05), evidenciando efectos citotóxicos para piperazina. El ensayo fue optimizado con coloración de Feulgen. Los resultados de este estudio sirven como base para evaluar citotoxicidad e inestabilidad genómica en cánidos a causa del efecto de agentes genotóxicos endógenos y exógenos.

## MCTA 5

**ENSAYO DE LETALIDAD DEL ALPERUJO  
SOBRE *Artemia salina***

Gordillo M.R.<sup>1</sup>, I.L. Romero<sup>1</sup>, M.L. Ybañez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>FACEN, Universidad Nacional de Catamarca.

E-mail: maria\_gordillo18@hotmail.com

Entre las sustancias orgánicas de mayor deposición en los suelos de Catamarca se encuentra el alperujo, con alto contenido oleico, que impermeabiliza el suelo además de ser citotóxico para numerosos vegetales. Entender su efecto en la biota del suelo es un avance para desarrollar los mecanismos de aprovechamiento de tan abundante recurso orgánico. El bioensayo de letalidad sobre nauplios de *Artemia salina* puede aplicarse a sustancias de estructuras y blancos de acción diversos y extrapolarse a otros modelos animales. El objetivo de este trabajo fue evaluar la mortalidad causada por el alperujo sobre larvas de *A. salina* y las alteraciones en la natación. Las larvas se expusieron durante 24 h a 3 concentraciones alperujo 5 mg/mL, 10 mg/mL y 20 mg/mL y control negativo con agua de mar. Y se evaluaron las modificaciones en la natación y el desplazamiento en comparación al testigo y con lupa binocular. Se determinó la concentración letal media (CL<sub>50</sub>) en 83.000 µg/mL, por lo que el alperujo puede considerarse “Producto que normalmente no ofrece peligro” según SENASA. A lupa pudo verse que las larvas de la concentración a 20 mg fueron las únicas que presentaron modificaciones manifiestas como pérdida de la movilidad en las extremidades de un lado de su cuerpo y desplazamiento en círculos o errático demarcando una actividad neurotóxica del alperujo. En cuanto a la mortalidad: un 12% de las larvas murió en las primeras 12 h en el tratamiento de 20 mg, no se observó mortalidad en los otros tratamientos. Si bien el alperujo no califica para ser una sustancia peligrosa, nuevos análisis son necesarios ya que en una dosis baja, existe más del 10% de mortalidad.

## MCTA 6

**ANÁLISIS DEL POTENCIAL GENOTÓXICO  
DEL EXTRACTO ACUOSO DE TALLO  
DE *Morrenia odorata* EN CATAMARCA,  
ARGENTINA**

Pereyra Martinez J.R.<sup>1</sup>, A. Hammann<sup>1</sup>, L.M. Ybañez<sup>1</sup>, E. Soto Acosta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>FACEN-UNCA.

E-mail: juanipereyra@hotmail.com

Muchas plantas se utilizan en la medicina popular para el tratamiento de varias enfermedades en Catamarca, incluyendo *Morrenia odorata*. Esta planta se conoce en la región como Doca y produce látex, que es rico en un alcaloide llamado Morrenina, reconocido por su uso antiinflamatorio y analgésico. Esta investigación tuvo como objetivo estudiar la genotoxicidad del extracto acuoso de tallo de *Morrenia odorata* mediante el test de *Allium cepa*. Se realizó el extracto acuoso de 5 g peso fresco de tallo macerado en 100 mL de agua destilada y se prepararon varias diluciones del extracto obtenido. El control negativo se hizo con agua destilada y el control positivo con cloruro de mercurio 1mg/L. Los resultados mostraron que la actividad genotóxica a dilución de 1/10 del extracto indujo diversas aberraciones tales como puentes cromosómicos, cromosomas errantes, pegajosos y fragmentos. Así, alerta sobre los riesgos de uso de hierbas medicinales en concentraciones no apropiadas.

## MCTA 7

**POTENCIAL GENOTÓXICO DE LOS EXTRACTOS ACUOSOS DE HOJAS DE *Amaranthus quitensis* MEDIANTE EL TEST DE *Allium cepa***

Hammann A.<sup>1</sup>, D. Parla Vega<sup>1</sup>, R. Vergara<sup>1</sup>, J.R. Pereyra Martinez<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>FACEN-UNCA, Argentina.  
E-mail: cuqui\_parla@hotmail.com

El objetivo del presente estudio fue evaluar posibles efectos genotóxicos del extracto acuoso de hojas de *A. quitensis* en células meristemáticas radicales de *Allium cepa*. La toxicidad fue inducida por diluciones al 10% de extractos realizados con 5 g peso fresco de hojas en 100 mL de agua destilada; como control negativo se usó agua destilada y para el control positivo 1 mg/L de cloruro de mercurio. Se observó, en relación al control negativo una reducción del índice mitótico y anomalías que incluyen metafases pegajosas, núcleos desplazados a la periferia, células alargadas y células binucleadas. Los resultados demostraron que el extracto vegetal acuoso de *A. quitensis* tiene la capacidad de producir daños mutagénicos de acción directa.

## MCTA 8

**EVALUACIÓN DE LA CITOTOXICIDAD DEL EXTRACTO DE HOJA DE *Morrenia odorata***

Ybañez L.M.<sup>1</sup>, L.C. Nieva<sup>1</sup>, J.E. Coronel Roso<sup>1</sup>, A. Hammann<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>FACEN-UNCA.  
E-mail: ylorena34@yahoo.com

Publicaciones recientes dan cuenta que varias plantas poseen potencial anti cancerígeno, el cual puede correlacionarse con la actividad citotóxica de la planta. El objetivo de este estudio fue analizar el potencial citotóxico de *Morrenia odorata* utilizando el ensayo de punta radicular de *Allium cepa*. Se examinaron varias concentraciones diferentes de extractos acuosos de 5 g peso fresco de hoja. Se utilizó agua destilada como control negativo y cloruro de mercurio 1 mg/L como control positivo. Los resultados muestran que el extracto es citotóxico en todas las concentraciones ensayadas comparado con el control, y que el índice mitótico disminuye con el aumento de las concentraciones de extracto. El extracto acuoso de *M. odorata* es un agente citotóxico, induciendo diversas aberraciones: células binucleadas, cromosomas errantes, pegajosos y rezagados.







**BAG**  
Journal of Basic & Applied Genetics